



PCT WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/46374 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 16. September 1999 (16.09.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00721 (22) Internationales Anmeldedatum: 9. März 1999 (09.03.99) (30) Prioritätsdaten: 198 11 193.2 10. März 1998 (10.03.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönhofeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATATUMORGeweBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – from prostate tumour tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Gewebe von Prostatatumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland		
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatatumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA,
5 genomische Sequenzen- aus Gewebe von Prostatatumoren, die für Genprodukte
oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und
deren Verwendung.

10 Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue
Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung
von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos,
da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und
Metastasen bildet.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression
gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten
Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die
Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer
20 Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf
das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder
Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher
Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen
25 Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als
Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen
30 Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus
sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von
cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression
von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete
Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T.
35 kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird,
sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für
ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise
sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von
normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die
40 Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind (s. Fig. 1). Es besteht jedoch
folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-
Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines
unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig
falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe.
45 Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und
somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 - 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164,
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3-53; 142, 144-164, die in Prostata Tumorgewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2000 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 1700 bp auf.

5

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 können gemäß gängiger

Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen
zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

15 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
20 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

30 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

35

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den
45 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

5 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

10 Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

15 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.

20 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 aufweisen.

25 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 kodiert werden.

30 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

35 Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Proteine, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 kodiert werden.

40 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

45 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15		
	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20		

Erklärung zu den Alignmentparametern

	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
25	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

30	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
35	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
40	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
45	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und
15 dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet (s. Fig. 2a und 2 b1-2b4).

20

Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen
25 Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche
30 Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Prostata-Tumor ESTs.

35

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)
Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe
40 spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

45

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen

ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

5

Beispiel 2

10 **Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster**

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in
15 einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 **Elektronischer Northern-Blot**

20 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988)
25 Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als
30 elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

35

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 36 gefunden, das 5x stärker in Prostata Tumorgewebe als in
entsprechendem Normalgewebe vorkommt.
Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Glutamat-bindende
40 Untereinheit des NMDA-Rezeptors.

Das Ergebnis ist wie folgt:

45

		NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T T/N	
	Blase	0.0465	0.0204	2.2731	0.4399
5	Brust	0.0373	0.0283	1.3172	0.7592
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines- Gewebe	0.0292	0.0163	1.7861	0.5599
	Gastrointestinal	0.0039	0.0286	0.1357	7.3686
10	Gehirn	0.0195	0.0350	0.5564	1.7973
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381
	Magen- Speiseröhre	0.0097	0.0307	0.3150	3.1748
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0059	0.0274	0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3424
	Prostata	0.0071	0.0341	0.2097	4.7677
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Dünndarm	0.0062			
	Prostata- Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weiß-Blutkörper- chen	0.0131			
35		FOETUS %Häufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
40	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäße	0.0000			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Häufigkeit

	Brust	0.0748
5	Eierstock-Uterus	0.0388
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
10	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0256
15	Sinnesorgane	0.0077

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, das 4,5x stärker in Prostatatumorgewebe als in
 5 entsprechendem Normalgewebe vorkommt.
 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Protein-Steuerung (Protein-Trafficking) im Endoplasmatischen Retikulum (ER).

Das Ergebnis ist wie folgt:

10

	NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T T/N	
15				
	Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust	0.0067	0.0022	3.0579 0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059 0.2852
	Endokrines-	0.0036	0.0054	0.66981.4930
20	Gewebe			
	Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107 1.6375
	Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321 0.9689
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
25	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168 0.7594
	Magen-	0.0193	0.0000	undef0.0000
30	Speiseröhre			
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565 1.1675
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857 1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
35	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237 4.4697
	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Dünndarm	0.0093		
	Prostata-	0.0089		
40	Hyperplasie			
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weiß-	0.0026		
45	Blutkörperchen			

		FOETUS
		%Häufigkeit
	Entwicklung	0.0000
5	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefäße	0.0000
	Lunge	0.0074
10	Niere	0.0247
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
15		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Häufigkeit
	Brust	0.0000
20	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
25	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0128
30	Sinnesorgane	0.0000

2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 40 gefunden, das 8x stärker in Prostatatumorgewebe als in
 5 entsprechendem Normalgewebe vorkommt.
 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Regulation der Protein-Kinase.

Das Ergebnis ist wie folgt:
 10

		NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T T/N	
15	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0763	0.1573	6.3588
	Eierstock	0.0608	0.0234	2.5969	0.3851
	Endokrines-	0.0073	0.0245	0.2977	3.3593
20	Gewebe				
	Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.8724	1.1462
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Hepatisch	0.0149	0.0388	0.3826	2.6139
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0355	0.1405	7.1196
	Magen-	0.0000	0.0230	0.0000	undef
30	Speiseröhre				
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Prostata	0.0119	0.0958	0.1243	8.0455
	Uterus	0.0017	0.0214	0.0774	12.9263
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0436			
	Prostata	0.0119			
40	-Hyperplasie				
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0470			
	Weiß e-	0.0009			
	Blutkörperchen				

45

		FOETUS
		%Häufigkeit
	Entwicklung	0.0000
5	Gastrointestinal	0.0247
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
10	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
15		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Häufigkeit
	Brust	0.0000
20	Eierstock-Uterus	0.0205
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
25	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0321
30	Sinnesorgane	0.0000

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 3

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
10	Eierstock	0.0122	0.0416	0.2922	3.4228
	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.0245	0.8186	1.2216
	Gastrointestinal	0.0252	0.0571	0.4411	2.2673
	Gehirn	0.0161	0.0131	1.2257	0.8159
	Haematopoetisch	0.0084	0.1135	0.0739	13.5274
15	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
	Herz	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0162	0.0189	0.8559	1.1683
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0149	0.0342	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0265	0.0276	0.9599	1.0417
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840
25	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0148			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
55	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0153	0.3031	3.2995
	Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233	4.4791
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0099	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855	3.5025
20	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0192	0.2486	4.0228
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0256			
60	Sinnesorgane	0.0000			
65					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0170	0.1398	7.1516
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef		
	Brust	0.0027	0.0109	0.2446	4.0878		
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465		
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000		
	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918		
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651	1.3069		
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168		
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef		
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
25	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duendarm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0062	
	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0041	
40	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0124	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0023	
50	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0029	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0228	
	Haut-Muskel	0.0000	
55	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0010	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0128		0.3637	2.7495
	Brust	0.0080		0.0022		3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0061		0.0026		2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0082		0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0058		0.0048		1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0025		0.0077		0.3318	3.0142
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0042		0.0137		0.3083	3.2436
15	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0050		0.0071		0.7023	1.4239
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0077		1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0300		0.0571	17.5127
	Niere	0.0059		0.0068		0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0057		0.0055		1.0285	0.9723
	Penis	0.0000		0.0267		0.0000	undef
	Prostata	0.0024		0.0170		0.1398	7.1516
	Uterus	0.0066		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
25	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
	Samenblase	0.0267					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
40	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
50	Foetal	0.0035					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
55	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0070					
	Prostata	0.0256					
	Sinnesorgane	0.0000					

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0200	0.0240	0.8340	1.1991
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0191	0.7655	1.3064
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0419			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0027	0.0087	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0073	0.0245	0.2977	3.3593
	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
10	Gehirn	0.0127	0.0208	0.6111	1.6363
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
	Lunge	0.0112	0.0047	2.3702	0.4219
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0238	0.0068	3.4733	0.2879
20	Pankreas	0.0095	0.0055	1.7142	0.5834
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0277	0.2581	3.8738
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
25	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines Gewebe	0.0490			
50	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0156			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0183	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0085	0.0000	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Duenndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30							
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
25	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0011	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	0.0027	0.0000	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	0.0000	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Duenndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
40							
45							
50							
55							
60							
65							

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0042	0.0088	0.4838	2.0669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0137	0.1541	6.4872
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
25	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40					
45					
50					
55					
60					

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0154
Gastrointestinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0157
Herz-Blutgefuesse	0.0041
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0091
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0060
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0067	0.0065	1.0193	0.9811
	Eierstock	0.0122	0.0052	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
10	Gehirn	0.0102	0.0033	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
	Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0563			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
40	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0979			
50	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0025	0.0011	2.3223	0.4306
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0024	0.0128	0.1864	5.3637
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
25	Duennndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointestinal 0.0031			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
40	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0140			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0076			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0097			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0030			
	Prostata 0.0064			
60	Sinnesorgane 0.0000			
65				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0378	0.0000	undef
	Haut	0.0050	0.1693	0.0294	34.0525
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0128	0.1864	5.3637
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0022	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0447	0.0533	18.7729
	Uterus	0.0000	0.0071	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
25	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0191	0.2870	3.4837
	Gastrointestinal	0.0252	0.0238	1.0585	0.9447
10	Gehirn	0.0068	0.0153	0.4423	2.2607
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0000	0.0412	0.0000	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0532	0.4922	2.0317
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
30					
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0067		0.0065		1.0193	0.9811
	Eierstock	0.0061		0.0052		1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055		0.0027		2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0019		0.0048		0.4071	2.4562
10	Gehirn	0.0008		0.0044		0.1935	5.1673
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0064		0.0275		0.2312	4.3248
15	Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0087		0.0071		1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0077		1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0086		0.0060		1.4275	0.7005
	Niere	0.0059		0.0068		0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0533		0.0000	undef
	Prostata	0.0024		0.0170		0.1398	7.1516
	Uterus	0.0066		0.0142		0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
25	Duenn darm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0092					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Herz-Blutgefuesse	0.0204					
40	Lunge	0.0185					
	Niere	0.0247					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0092					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Herz-Blutgefuesse	0.0204					
50	Lunge	0.0185					
	Niere	0.0247					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
55	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0092					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Herz-Blutgefuesse	0.0204					
60	Lunge	0.0185					
	Niere	0.0247					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0092					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Herz-Blutgefuesse	0.0204					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0255	0.0932	10.7274
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0022	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0192	0.2486	4.0228
	Uterus	0.0017	0.0142	0.1160	8.6176
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000
60		
65		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0076	0.0022	3.4835	0.2871
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0071	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
20	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
40	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0023
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 142

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0093		0.0026		3.6370	0.2750
	Brust	0.0067		0.0131		0.5096	1.9621
	Eierstock	0.0122		0.0130		0.9349	1.0696
	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0027		1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0058		0.0048		1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0161		0.0044		3.6770	0.2720
	Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0099		0.0065		1.5303	0.6535
	Herz	0.0117		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0075		0.0189		0.3950	2.5314
20	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0060		1.1420	0.8756
	Niere	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Pankreas	0.0057		0.0000		undef	0.0000
25	Penis	0.0000		0.0267		0.0000	undef
	Prostata	0.0024		0.0085		0.2797	3.5758
	Uterus	0.0033		0.0142		0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
30	Duennndarm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
40							
45							
50							
55							
60							

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 144

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0141	0.2766	3.6156
	Brust	0.0062	0.0056	1.0959	0.9125
	Dickdarm	0.0057	0.0028	2.0184	0.4955
	Duennndarm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0142	0.1132	8.8363
	Gehirn	0.0023	0.0140	0.1658	6.0318
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0061	0.0137	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0074	0.3947	2.5338
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0185	0.0928	10.7785
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4958	0.6685
	Prostata	0.0066	0.0143	0.4604	2.1719
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0103	0.0138	0.7497	1.3339
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0211			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0131			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0225			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 145

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0390	0.1151	0.3387	2.9527
	Brust	0.0132	0.0014	9.3932	0.1065
	Dickdarm	0.0498	0.0114	4.3731	0.2287
	Duenn darm	0.0165	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0072	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0016	0.0124	0.1293	7.7318
	Gehirn	0.0278	0.0150	1.8568	0.5386
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0550	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0074	0.2319	4.3114
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0248	0.0552	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0349	0.0638	0.5463	1.8304
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0089	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0157	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 146

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0094	0.8297	1.2052
	Brust	0.0044	0.0042	1.0437	0.9581
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0165	0.0213	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0018	0.0000	undef
	Gehirn	0.0081	0.0070	1.1605	0.8617
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0030	0.0275	0.1108	9.0287
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0000	0.0037	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
	Prostata	0.0047	0.0091	0.5168	1.9350
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0070			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 147

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0141	0.2766	3.6156
	Brust	0.0062	0.0028	2.1917	0.4563
	Dickdarm	0.0057	0.0028	2.0184	0.4955
	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0106	0.1509	6.6272
	Gehirn	0.0046	0.0080	0.5803	1.7234
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0041	0.0137	0.2954	3.3858
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0055	0.7016	1.4253
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0185	0.0928	10.7785
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Prostata	0.0057	0.0130	0.4341	2.3036
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0074	0.0046	1.6064	0.6225
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0211			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	-Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0141			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 148

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0141	0.2766	3.6156
	Brust	0.0079	0.0141	0.5636	1.7743
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0000	0.0095	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0231	0.6964	1.4359
	Gehirn	0.0156	0.0229	0.6812	1.4681
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0097	0.0055	1.7540	0.5701
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0246	0.0048	5.1067	0.1958
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0941	0.4775
	Prostata	0.0104	0.0221	0.4682	2.1360
	T_Lymphom	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0089	0.0092	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0107			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0493			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0557			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0042	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0019	0.0039	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0050			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 151

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0071	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0039	0.2412	4.1464
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 152

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0009	0.0014	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0006	0.0010	0.5803	1.7234
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0075	0.0039	1.9294	0.5183
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 153

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0028	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0041	0.0110	0.3693	2.7082
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0020	0.0137	0.1477	6.7715
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0018	0.5262	1.9004
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0074	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0028	0.0078	0.3618	2.7643
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 154

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0014	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4110
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0095	0.0000	undef
	Gehirn	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0039	0.2412	4.1465
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 155

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Brust	0.0088	0.0098	0.8946	1.1179
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0048	2.4886	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0019	3.3917	0.2948
	Gehirn	0.0205	0.0060	3.4255	0.2919
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0037	1.3155	0.7602
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0192	0.3778	2.6472
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0022	0.0096	0.2321	4.3085
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0066	0.0130	0.5065	1.9745
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0046	0.0138	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
35	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0626
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0544
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0979
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden_n	0.0167
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0201
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0090
	Prostata_n	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 156

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0141	0.2766	3.6156
	Brust	0.0044	0.0098	0.4473	2.2357
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364	2.9727
	Duenndarm	0.0110	0.0107	1.0306	0.9703
10	Eierstock	0.0030	0.0119	0.2489	4.0182
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0089	0.3621	2.7613
	Gehirn	0.0017	0.0040	0.4352	2.2978
	Haut	0.0037	0.0789	0.0466	21.4787
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0237	0.5089	1.9650
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0038	0.0117	0.3216	3.1098
	T_Lymphom	0.0101	0.0224	0.4508	2.2182
	Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0123	0.0607	0.2029	4.9287
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0235	0.0000	undef
	Brust	0.0035	0.0070	0.5010	1.9961
	Dickdarm	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0006	0.0040	0.1451	6.8935
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0275	0.0369	27.0862
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0064	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Prostata	0.0123	0.0456	0.2687	3.7211
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0040			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0047	0.8297	1.2052
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0287	0.0142	2.0184	0.4955
	Duenndarm	0.0192	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0167	0.3555	2.8128
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0177	0.3621	2.7613
	Gehirn	0.0087	0.0140	0.6217	1.6085
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0139	0.0063	2.1973	0.4551
15	Herz	0.0020	0.0412	0.0492	20.3146
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0129	0.3007	3.3256
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0037	3.2472	0.3080
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4570
	Prostata	0.0254	0.0469	0.5426	1.8428
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0075			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0141			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 159

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0141	0.0000 undef
	Brust 0.0026	0.0028	0.9393 1.0646
	Dickdarm 0.0077	0.0057	1.3456 0.7432
	Duenndarm 0.0027	0.0107	0.2577 3.8812
10	Eierstock 0.0030	0.0095	0.3111 3.2146
	Endokrines Gewebe 0.0064	0.0018	3.6214 0.2761
	Gehirn 0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0190	0.0000 undef
15	Herz 0.0020	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0059	0.0000 undef
	Lunge 0.0010	0.0037	0.2631 3.8007
	Magen-Speiserohre 0.0072	0.0064	1.1335 0.8822
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0067	0.0048	1.3927 0.7180
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0123	0.0260	0.4703 2.1264
	T_Lymphom 0.0101	0.0149	0.6762 1.4788
	Uterus 0.0044	0.0092	0.4819 2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0120	.	
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
35	Gastrointestinal 0.0194		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
40	Herz-Blutgefuesse 0.0071		
	Lunge 0.0108		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0121		
45	Prostata 0.0499		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
55	Eierstock_t 0.0608		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0075		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
60	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
65	Nerven 0.0030		
	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0293		
	Prostata_n 0.0061		
	Sinnesorgane 0.0387		
70	Weisse Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 160

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0044	0.0056	0.7828	1.2775
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0071	0.6790	1.4727
	Gehirn	0.0017	0.0050	0.3482	2.8723
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0071	0.0275	0.2584	3.8695
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0097	0.0074	1.3155	0.7601
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0064	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0037	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0104	0.0904	11.0571
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0092	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0110			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 161

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0014	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0038	0.0117	0.3216	3.1098
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0092	0.1606	6.2251
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 162

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0070	0.5532	1.8078
	Brust	0.0053	0.0028	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0214	0.0030	7.1565	0.1397
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0092	0.2105	4.7509
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0074	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0066	0.0143	0.4604	2.1719
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0201			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 163

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
	Brust	0.0070	0.0028	2.5048	0.3992
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0106	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0046	0.0130	0.3571	2.8005
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0096	0.2321	4.3081
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0028	0.0065	0.4341	2.3036
	T_Lymphom	0.0025	0.0149	0.1691	5.9152
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0100			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 164

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0053	0.0126	0.4175	2.3954
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092	0.9909
	Duenndarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0119	0.9955	1.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0035	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0174	0.0040	4.3519	0.2298
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0059	2.0357	0.4912
	Lunge	0.0068	0.0148	0.4604	2.1719
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0037	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0052	0.3618	2.7643
	T_Lymphom	0.0126	0.0373	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0090			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

20

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

30

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen *C_i* (*i*: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if *H₀* Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_j > C_{j-1}$; Abbruchkriterium II).

40

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

45

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumor-Gewebe gefunden werden.

5

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits
10 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

15 **Beispiel 4**

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3
20 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das
25 Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende
30 zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte
35 Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen
40 Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

45

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone
 (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T.
 Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797)
 wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird
 10 eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das
 humane Genom) in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone
 mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der
 DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich
 die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der
 15 Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone
 und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen
 BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
 Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
3	523-P-21				
20	446-E-12				
33	544-K-9	552-M-9	391-B15	228-G-2	
36	420-I-3	395-G-4	489-A14		
44	194-A-22	438-F-10	491-A-16		
50	423-P-13	327-G-1	221-M-24	197-M-19	
51	244-C-10	421-G-19			
53	342-M-13	347-N-18			
142	353-J-9	383-F-17	404-H-16	416-N-2	501-A-5

Tabelle 1

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
3	in Prostata Tumoren erhöht	Humanes Homolog zu der bovinen anorganischen Pyrophosphatase	Pyrophosphatase	10q21.1-q22.1	SHGC-36251-D10S1428	246	1258	
4	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt		2q35	SHGC-32022-D2S126	257	894	
6	in Prostata Tumoren erhöht	Humanes Homolog zu einem GTPase aktivierenden Protein aus <i>Yarrowia lipolytica</i>	TBC			225	1017	
7	in Prostata- und Brusttumoren erhöht	MLN 62	MATH; TRAF	17p12-q11.2	D17S798	192	671	
10	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt		1p36.13-p36.12	D1S3153-D1S2740	225	870	
12	in Prostata Tumoren erhöht	BCE-1		2q35	SHGC-32022-D2S126	215	1312	
13	in Prostata Tumoren erhöht	GATA-3		10p15.1	D10S1431-SHGC-32335	230	1008	
15	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt		19p13.3-p13.2	D19S854-SHGC-36605	193	706	
17	in nicht normierten oder subtrahierten Bibliotheken nur im Prostata- u. Gehirntumoren nachweisbar	Unbekannt		2q33.1-q33.3	SHGC-36529-D2S374	246	450	
18	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt		Xq25-28	DXS1062-DXS9754	233	418	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
19	nur in Prostata- und Brusttumoren	Homolog zu der Inositol Polyphosphat-4-Phosphatase Typ1beta		20q13.2	D20S197- SHGC-33731	282	549	
20	in Prostatatumoren erhöht	Unbekannt				249	999	
21	in Prostatatumoren erhöht	Unbekannt		4q31.22-31.23	D4S397- D4S2965	301	311	
22	in Prostatatumoren erhöht	Unbekannt		16p11.2	SHGC-2727- SHGC-35326	231	527	
23	nur in Prostatatumoren nachweisbar	Unbekannt		9q21.31-21.32	SHGC-35114- D9S1122	224	359	
24	in Prostatatumoren erhöht	Unbekannt		2p11.1 - 2p12	D2S388- D2S2579	242	1482	
26	nur in Prostatatumoren nachweisbar	Unbekannt		2q11.2	D2S2311- D2S2886	229	316	
27	in Prostatatumor und Hyperplasie erhöht	Homolog zu DYNAMIN-1		15q25.1-q25.3	SHGC-30592- SHGC-35120	209	369	
29	nur im normalen Lungengewebe, in Prostata- und in Endokrin-Tumoren nachweisbar	Unbekannt		6q23.1-23.3	D6S1835- D6S1569	260	591	
31	in Prostatatumoren erhöht	Unbekannt		10q21.1-21.3	D10S1688- SHGC-33649	241	1631	
33	in Prostatatumoren erhöht	Humanes Homolog zu NST-1 aus der Maus	HSP70			247	844	
34	in Prostatatumoren erhöht	Unbekannt		17q11.2	SHGC-2348	386	1563	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
36	ca. 5 x stärker in Prostata Tumoren als im entsprechenden Normalgewebe	Homolog zu NMDA		8q24.3	AFMA128XH5	298	1557	
37	5 x stärker in Prostata Tumoren als im entsprechenden Normalgewebe	Unbekannt		18q21.1 - 18q21.33	D18S831 - D18S64	213	1381	
39	ca. 4,5 x stärker in Prostata Tumoren als im entsprechenden Normalgewebe	Humanes Homolog zu Sec61		3q22.1-3q23	SHGC-37132 - SHGC-30693	224	615	
40	8 x stärker in Prostata Tumoren als im entsprechenden Normalgewebe	HUMANER INTESTINALER TREFOIL FACTOR HP1.B	trefoil	21q22.3		276	834	
44	in Prostata- und Hauttumoren erhöht	Unbekannt		6q12-p12.1	SHGC-10670 - SHGC-31710	207	997	
45	in Prostata Tumoren erhöht	Homolog zu humanem Melastatin 1	CATION_CHAN NEL_TRPL	19q13.2-q13.41	SHGC-9668 - SHGC-30929	212	548	
46	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt		9q21.32-q22.1	D9S1120 - D9S1812	241	1448	
47	in Prostata Tumoren erhöht	Homolog zu einem Protein kinase C substrate		16p13.3-q24.3	D16S521 - SHGC-2951	165	1163	
48	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt		19q13.2-q13.41	NIB1805-WI-9028	260	906	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
49	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt		2p24.3	D2S1288	259	1222	
50	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt				277	649	
51	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt				272	1226	
52	in Prostata Tumoren erhöht	Unbekannt		12q24.22-q24.23	D12S1619-D12S1915	249	1036	
53	in Prostata Tumoren erhöht	Homologie zu der Familie der High Mobility Group Proteine	Ribosomal_L7A	10q11.1-q23.1	D10S1571-D10S583	228	758	
142	in Prostata Tumoren erhöht	Calcyclin bindendes Protein		1q24-25	WI-3733-WI-5780	317	1663	
144	2.1719 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata Gewebe exprimiert	Unbekannt		2q35	SHGC-32022-D2S126		2105	4
145	1.8304 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata Gewebe exprimiert	Humanes Homolog zu einem GTPase aktivierenden Protein aus Yarrowia lipolytica	TBC				1125	6
146	1.935 x fach im Prostata tumor gegenüber normalem Prostata Gewebe exprimiert	Unbekannt		1p36.13-p36.12	D1S3153-D1S2740		1490	10

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
147	2.3036 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	BCE-1		2q35	SHGC-32022-D2S126		1692	12
148	2.1361 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		19p13.3-p13.2	D19S854-SHGC-36605		866	15
149	2.0732 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		2q33.1-q33.3	SHGC-36529-D2S374		992	17
150	1.3821 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Humanes Homolog zu der Tyrosin-Protein Kinase 1 aus Dictyostelium discoideum	GAMMA_CARB OXYLASE				1640	20
151	4.1464 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Humanes Homolog des ZFP-29 aus der Maus	zf-C2H2	16p11.2	SHGC-2727-SHGC-35326		974	22

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
152	1.9294 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Homolog zu DYNAMIN-1		15q25.1-q25.3	SHGC-30592- SHGC-35120		1059	27
153	2.7643 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		10q21.1-21.3	D10S1688- SHGC-33649		2003	31
154	4.1465 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Humanes Homolog zu NST-1 aus der Maus	HSP70				1130	33
155	1.9745 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase typ 2 beta		17q11.2	SHGC-2348		5779	34
156	3.1098 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Lysophospholipase	ESTERASE	6q12-p12.1	SHGC-10670- SHGC-31710		2408	44

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
157	3.7211 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Homolog zu humanem Melastatin 1	CATION_CHAN NEL_TRPL	19q13.2-q13.41	SHGC-9668- SHGC-30929		1548	45
158	1.8428 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		9q21.32-q22.1	D9S1120- D9S1812		2319	46
159	2.1264 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		19q13.2-q13.41	NIB1805-WI- 9028		1467	48
160	11.0571 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		2p24.3	D2S1288		1348	49
161	3.1098 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt					1290	51

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
162	2.1719 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Unbekannt		12q24.22-q24.23	D12S1619-D12S1915		2912	52
163	2.3036 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Homologie zu der Familie der High Mobility Group Proteine	Ribosomal_L7A	10q11.1-q23.1	D10S1571-D10S583		850	53
164	2.7643 x fach im Prostata-tumor gegenüber normalem Prostata-gewebe exprimiert	Calcyclin bindendes Protein		1q24-25	WI-3733-WI-5780		2223	142

Tabelle 2

<u>DNA-Sequenz</u> <u>Seq ID No.</u>	<u>Peptid-Sequenz</u> <u>(ORF's) Seq ID No.</u>						
3	57						
4	58						
6	59	60					
7	61						
10	64						
12	66	67					
13	68						
15	70	71					
17	73	74					
18	75						
19	76	77					
20	78	79					
21	80						
22	81						
23	82						
24	83						
26	85						
27	86						
29	87						
31	89	90					
33	-						
34	92						
36	94						
37	95						
39	-						
40	97						
44	101	102	103	104	105		
45	106	107	108				
46	109	110	111				
47	112	113	114				
48	115	116	117	118	119	120	121
49	122	123	124	125			
50	126	127	128	129			
51	130	131	132				
52	133	134	135	136	137		
53	138	139	140	141			
142	143						
144	165	166					
145	167						
146	168	169					
147	170	171					
148	172	173					
149	174	175					
150	176	177					
151	178						
152	179	180					
153	181	182					
154	183						

<u>DNA-Sequenz</u>	<u>Peptid-Sequenz</u>	
<u>Seq ID No.</u>	<u>(ORF's) Seq ID No.</u>	
155	184	
156	185	
157	186	187
158	188	189
159	190	191
160	192	193
161	194	195
162	196	197
163	198	
164	199	

- Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 werden
- 5 in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

5

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- 10 (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- 15 (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

20

- (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Prostatatumorgewebe

- (iii) Anzahl der Sequenzen: 167

25

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:3:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1200 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

45

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

10 GGGCTCTCTC CTTGTCAAGTC GCGCGCCGCT GCGGGCTGGT GGCTCTGTGG CAGCGGCGGC 60
GGCAGGACTC CGGCACTATG AGCGGCTTCA GCACCGAGGA GCGCGCCGCG CCTTCTCCCT120
GGAGTACCGA GTCTTCCTCA AAAATGAGAA AGGACAATAT ATATCTCCAT TTCATGATAT180
TCCAATTTAT GCAGATAAGG ATGTGTTTCA CATGGTAGTT GAAGTACCAC GCTGGTCTAA240
TGCAAAAATG GAGATTGCTA CAAAGGACCC TTAAACCCT ATTAAACAAG ATGTGAAAAA300
15 AGGAAAACCT CGCTATGTTG CGAATTTGTT CCCGTATAAA GGATATATCT GGAACATATGG360
TGCCATCCCT CAGACTTGGG AAGACCCAGG GCACAATGAT AAACATACTG GCTGTTGTGG420
TGACAATGAC CCAATTGATG TGTGTGAAAT TGGAAGCAAG GTATGTGCAA GAGGTGAAAT480
AATTGGCGTG AAAGTTCTAG GCATATTGGC TATGATTGAC GAAGGGGAAA CCGACTGGAA540
AGTCATTGCC ATTAATGTGG ATGATCCTGA TGCAGCCAAT TATAATGATA TCAATGATGT600
20 CAAACGGCTG AAACCTGGCT ACTTAGAAGC TACTGTGGAC TGGTTTAGAA GGTATAAGGT660
TCCTGATGGA AAACCAGAAA ATGAGTTTGC GTTTAATGCA GAATTTAAAG ATAAGGACTT720
TGCCATTGAT ATTATTAAAA GCACTCATGA CCATTGGAAA GCATTAGTGA CTAAGAAAAC780
GAATGGAAAA GGAATCAGTT GCATGAATAC AACTTTGTCT GAGAGCCCCCT TCAAGTGTGA840
TCCTGATGCT GCCAGAGCCA TTGTGGATGC TTTACCACCA CCCTGTGAAT CTGCCTGCAC900
25 AGTACCAACA GACGTGGATA AGTGGTTCCA TCACCAGAAA AACTAATGAG ATTTCTCTGG960
AATACAAGCT GATATTGCTA CATCGTGTTT ATCTGGATGT ATTAGAAGTA AAAGTAGTAG1020
CTTTTCAAAG CTTTAAATTT GTAGAACTCA TCTAACTAAA GTAAATTCTG CTGTGACTAA1080
TCCAATATAC TCAGAATGTT ATCCATCTAA AGCATTTTTC ATATCTCAAC TAAGATAACT1140
TTTAGCACAT GCTTAAATAT CAAAGGAGTT GCCATTTTGG AGGCACTTGT GAATAGGTGT1200
30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 894 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5 CTTACACGGAG CAGCATGCTT TCTCCTGCGC CGATGGCTCA CCCCCTGCC CACTGCGTGG 60
GGCTGACCGG GCTGATGTGG CCGATGTTCT GGGGACAGCT CTAGAGGAGC TGAACCGCCG120
CTACCACCCG GCCTTGCGGC TCCAGAAGCA GCAGCTGGTG AATGGCTACC GACGCTTTGA180
TCCGGCCCCG GGTATGGAAT ACACGCTGGA CTTGCAGCTG GAGGCACTGA CCCCCAGGG240
AGGCCGCCGG CCCCTCACTC GCCGAGTGCA GCTGCTCCGG CCGCTGAGCC GCGTGGAGAT300
10 CTTGCCTGTG CCCTATGTCA CTGAGGCCCTC ACGTCTCACT GTGCTGCTGC CTCTAGCTGC360
GGCTGAGCGT GACCTGGCCC CTGGCTTCTT GGAGGCCCTT GCCACTGCAG CACTGGAGCC420
TGGTGATGCT GCGGCAGCCC TGACCCTGCT GCTACTGTAT GAGCCGCGCC AGGCCCAGCG480
CGTGGCCCAT GCAGATGTCT TCGCACCTGT CAAGGCCCAT GTGGCAGAGC TGGAGCGGCG540
TTTCCCCGGT GCCCGGGTGC CATGGCTCAG TGTGCAGACA GCCGCACCCT CACCACTACG600
15 CCTCATGGAT CTACTCTCCA AGAAGCACCC GCTGGACACA CTGTTCTCTG TGGCCGGGCC660
AGACACGGTG CTCACGCCTG ACTTCTTGAA CCGCTGCCGC ATGCATGCCA TCTCCGGCTG720
GCAGGCCTT TTTCCCATGC ATTTCCAAGC CTTCCACCCA GCTGTGGCCC CACCACAAGG780
GCCTGGGCCC CCAGAGCTGG GCCGTGACAC TGGCCGCTTT GATCGCCAGG CAGCCAGCGA840
GGCCTGCTTC TACAACCTCC ACAACGGCAG CCCGTGGGCG CCTGGCGGCA GCTC
20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE:1017 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

CATAGTCAGC TCGTTGATGT GCTTGAGGAT CTCATTGGAG CCGAACCCGG ACAGCATGAG 60
GGTGTCCCTC TCCATGTCCA GGATGGCGCA GGCCACCAGC AGGTGCAGAT TGGGGCCAGG120
GAGCCCTGTC CACAGCACCT CCCACAGCCG AAGGACATCC GGAAGGGGA ATTCCCTCTT180
50 GAACCAGATG AGCAGCCACC GGAAACAGAA GCAGAGAGAG CCGGAGTCCT GGAATCCAG240
GAAGTCGCAG AGCAGGGGGT CCAGCACCCCT CCGGAGCAGC AGCAGTCGCC CGAGTTGCCG300
CTTCATGGTC TCCTGGCTCT CTTCAAAGCT CGAGCCGCTC GAGCCGAATT CGGCTCGAGA360
AACCAGCCTG CTCCTGGAGC TTCCCTGGAC TCAACTTCTT AAAGGCATGT GAGGAAGGGG420

5 TAGATTCCAC AATCTAATCC GGGGGCCATC AGAGTAGAGG GAGTAGAGAA TGGATGTTGG480
GTAGGCCATC AATAAGGTCC ATTCTGCGCA GTATCTCAAC TGCCGTTCAA CAATCGCAAG540
AGGAAGGTGG AGCAGGTTTC TTCATCTTAC AGTTGAGAAA ACAGAGACTC AGAAGGGCTT600
CTTAGTTCAT GTTTCCCTTA GCGCCTCAGT GATTTTTTCA TGGTGGCTTA GGCCAAAAGA660
AATATCTAAC CATTCAATTT ATAAATAATT AGGTCCCCAA CGAATTAAAT ATTATGTCCT720
ACCAACTTAT TAGCTGCTTG AAAAATATAA TACACATAAA TAAAAAATA TATTTTTCAG780
TTCTATTTC GTGTTAATGA GAACTACTTA CTAAGGAGAT GTATGCACCT ATTGGGACAG840
TGTGCAAGTT CTTGAGCTGG GATTGAGGGT GGGCAATGCT GCCCCTCAAT TTCTGCTTCC900
AGGTGGGTGG TTCCATATGG TACTTGAGTT TTTATCAGAG GGCCTGGGAA AACCCAGTC960
10 TCACAAAAAT ATTGAAATTA TCAGAAGGGT TATAGTGGCA ATCTTATGTT GAAAGGA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:671 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

CATAAGTATG GTTACAAGCT GCAGGTGTCT GCATTCCCTCA ATGGCAATGG CAGTGGTGAG 60
GGCACACACC TCTCACTGTA CATTCGTGTG CTGCCTGGTG CCTTTGACAA TCTCCTTGAG120
TGGCCCTTTG CCCGCCGTGT CACCTTCTCC CTGCTGGATC AGAGCGACCC TGGGCTGGCT180
40 AAACCACAGC ACGTCACTGA GACCTTCCAC CCCGACCCAA ACTGGAAGAA TTTCCAGAAG240
CCAGGCACGT GGCGGGGCTC CCTGGATGAG AGTTCTCTGG GCTTTGGTTA TCCCAAGTTC300
ATCTCCCACC AGGACATTCG AAAGCGAAAC TATGTGCGGG ATGATGCAGT CTTTCATCCGT360
GCTGCTGTTG AACTGCCCCG GAAGATCCTC AGCTGAGTGC AGGTGGGGTT CGAGGGGAAA420
GGACGATGGG GCATGACCTC AGTCAGGCAC TGGCTGAAC TGGAGAGGGG GCCGGACCCC480
45 CGTCAGCTGC TTCTGCTGCC TAGGTTCTGT TACCCCATCC TCCCTCCCC AGCCACCACC540
CTCAGGTGCC TCCAATTGGT GCTTCAGCCC TGGCCCCTGT GGGGAACAGG TCTTGGGGTC600
ATGAAGGGCT GGAAACAAGT GACCCAGGG CCTGTCTCCC TTCTTGGGTA GGCAGACAT660
GCTTGGGTGC C

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

25 CCTTCCTCTT CTGGTTCAGC GTGGCCTCCC TAATCACCTC CTTCCACCTC TTCCTCTTCA 60
AGCTCATCTA CAACGAGTAC TGTGGGCCTG GAGCCAAGCC CCTCTTCAGG AGTAAGGAAG120
ATCCCAGTGT CTGAGTGAAC TAACAGTCCT GCTTTCAGCC ACCATTGCA CAAGACACCC180
AGCACTGAAA GTCCCGCTGC CAGGAGCAAG GGATCCTTTG GAAGCACCCG CCCTTTGTGC240
CTTGTTGGGG GAAACCGGTG ACGCAGAACT GAGTGTGGAT ACACCAGAGT TTGCATTGGA300
AGGAATGAGT GTCACGTGGG GAGGGAAGGG GCCAGTGGAC CTTTTGTAAG CTTTCCACTC360
AATAAAATGA ACCTGTATGG CAAATACTTG AAATGGAAC CACTCCTTCC ACTTCCCCC420
30 TTTCTTCTGT CCCAGGAAAT AGATCATCTT TTGAAAAGAC TCTTGTCTAG GAAAAGTTGT480
GTCCTTTTCC TAATTTAACG TGTTCTTTCT TAATGAAGTT TTAATTTATT TTGTTGAGA540
TTTTGCTAGA TGGCTTTTGC ATCCCCTGTA GATGGTGAGT GTTGGCGGTG ATGTCCGTCT600
CGGCGTTCGG AGGCCCCACG GTCCCGAGGC TGGGCCGGGG CCCCCAGGG TGGCTGTGCT660
GCTGCCTGTA GGAGGGTGCG GGTTGTGCTG TCATCCTCGG GTTTGCACGC CCTTTTTTAG720
35 GAGCCTGTGG ACATCTGTGG TTTTGTACTT TGGGGCTTCA GGGGAGGTGT TTAACTTTCT780
AGTGATTGAT GATTGTCAGG TTTTGAAATA CCAAAGCTTT TTTGTTCTGT TTTTAAATAA840
ATATCTTTCA AACTTTAAAA AAAAAAAAAA

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1311 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

15 TTAAAAGTTA TTTATGTTTA ATGCTTAAAA GTCTGAATTC ACAAACAATC TACCATTATA 60
GAAGTACTGG TGGTCAATAC AATGCATTAG AACTATGTAC AACGCACAGT TTAGTATCAA120
AATCTTTCTA CACTGTAGAG TTTTACGAAA CTGTTAATGA CATCAAACAC TAAGCACTTA180
AGACACCATT TTTTCTGCT ACCACATTAG GAACGTCAAT GGACAGTCCA TTTCAACTTG240
CCGCATCCAT CCATTTCTAG TATGAAATTA AGTAATTTTC TACTTATACA ATAAAGTATA300
TCTACACGGT TCTTTTGATT TTGATCCATC GCAGCAACGG CACTGTACAT CAGCCTCGAG360
20 CCGATTCGGC TCGAGCTTGC CTGTGCCCTA TGCTACTGAG GCCTCACGTC TCACTGTGCT420
GCTGCCTCTA GCTGCGGCTG AGCGTGACCT GGCCCTGGC TTCTTGAGG CCTTTGCCAC480
TGCAGCACTG GAGCCTGGTG ATGCTGCGGC AGCCCTGACC CTGCTGCTAC TGTATGAGCC540
GCGCCAGGCC CAGCGCGTGG CCCATGCAGA TGTCTTCGCA CCTGTCAAGG CCCATGTGGC600
AGAGCTGGAG CGGCGTTTCC CCGGTGCCCG GGTGCCATGG CTCAGTGTGC AGACAGCCGC660
25 ACCCTCACCA CTACGCCTCA TGGATCTACT CTCCAAGAAG CACCCGCTGG ACACACTGTT720
CCTGCTGGCC GGGCCAGACA CGGTGCTCAC GCCTGACTTC CTGAACCGCT GCCGCATGCA780
TGCCATCTCC GGCTGGCAGG CCTTCTTTCC CATGCATTC CAAGCCTTCC ACCCAGCTGT840
GGCCCCACCA CAAGGGCCTG GGCCCCCAGA GCTGGGCGGT GACACTGGCC GCTTTGATCG900
CCAGGCAGCC AGCGAGGCCT GCTTCTACAA CTCCGACTAC GTGGCAGCCC GTGGGCGCCT960
30 GGCGGCAGCC TCAGAACAA GAGAGGAGCT GCTGGAGAGC CTGGATGTGT ACGAGCTGTT1020
CCTCCACTTC TCCAGTCTGC ATGTGCTGCG GGCGGTGGAG CCGGCGCTGC TGCAGCGCTA1080
CCGGGCCCAG ACGTGCAGCG CGAGGCTCAG TGAGGACCTG TACCACCGCT GCCTCCAGAG1140
CGTGCTTGAG GGCTCGGCT CCCGAACCCA GCTGGCCATG CTACTCTTTG AACAGGAGCA1200
GGGCAACAGC ACCTGAGCCC ACCCTGTCCC CGTGGGCGGT GGCATGGGCA AAACCCACCC1260
35 CACTTCTCCC CAAAACCAG AGCCACCGCC AGCCTCGTGG GCAGGGTTGG C

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE:1008 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```
10 CCGCCATCCA GCCTGTCCTT TGGACCACAC CACCCCTCCA GCATGGTCAC CGCCATGGGT 60
TAGAGCCCTG CTCGATGCTC ACAGGGCCCC CAGCGAGAGT CCCTGCAGTC CCTTTCGACT120
TGCATTTTTG CAGGAGCAGT ATCATGAAGC CTAAACGCGA TGGATATATG TTTTGAAGG180
CAGAAAGCAA AATTATGTTT GCCACTTTGC AAAGGAGCTC ACTGTGGTGT CTGTGTTCCA240
ACCACTGAAT CTGGACCCCA TCTGTGAATA AGCCATTCTG ACTCATATCC CCTATTTAAC300
15 AGGGTCTCTA GTGCTGTGAA AAAAAAAAAAT GCTGAACATT GCATATAACT TATATTGTAA360
GAAATACTGT ACAATGACTT TATTGCATCT GGTAGCTGT AAGGCATGAA GGATGCCAAG420
AAGTTTAAGG AATATGGGAG AAATAGTGTG GAAATTAAGA AGAAACTAGG TCTGATATTC480
AAATGGACAA ACTGCCAGTT TTGTTTCCTT TCACTGGCCA CAGTTGTTTG ATGCATTAA540
AGAAAGGCGA ATCATTTGTT CAAAGCTGTT GGCTCTGCA AAGGAAATAC CAGTTCTGGG600
20 CAATCAGTGT TACCGTTCAC CAGTTGCCAT TGAGGGTTTC AGAGAGCCTT TTTCTAGGCC660
TACATGCTTT GTGAACAAGT CCGTGTAATT GTTGTGTTGTA TGTATAATTC AAAGCACCAA720
AATAAGAAAA GATGTAGATT TATTTTCATCA TATTATACAG ACCGAACTGT TGTATAAATT780
TATTTACTGC TAGTCTTAAG AACTGCTTTC TTTCGTTTGT TTGTTTCAAT ATTTTCCTTC840
TCTCTCAATT TTTGGTTGAA TAACTAGAT TACATTCAGT TGGCCTAAGG TGGTTGTGCT900
25 CGGAGGGTTT CTTGTTTCTT TTCCATTTTG TTTTGGGAT GATATTTATT AAATAGCTCC960
TAAGAGTCCG GCGGCATCTG TCTTGTCCCT ATTCCTGCAG CCTGTGCT
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:706 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

5 GTTGGGGGAA ACCCACGAGG GGACGCGGCC GAGGAGGGTC GCTGTCCACC CGGGGGCGTG 60
GGAGTGAGGA CTGCAAGAGG GAGGAAGGCG GGAACCTAGG AGGCCTGATT AAGATGGTCC120
ATCTACTGGT CTTGTCAGGT GCCTGGGGCA TGCAAATGTG GGTGACCTTC GTCTCAGGCT180
10 TCCTGCTTTT CCGAAGCCTT CCCCACATA CCTTCGGACT AGTGCAGAGC AAACCTCTCC240
CCTTCTACTT CCACATCTCC ATGGGCTGTG CCTTCATCAA CCTCTGCATC TTGGCTTCAC300
AGCATGCTTG GGCTCAGCTC ACATTCTGGG AGGCCAGCCA GCTTTACCTG CTGTTCTGA360
GCCTTACGCT GGCCACTGTC AACGCCCCTG GGCTGGAACC CCGCACCACA GCTGCCATGT420
GGGCCCTGCA AACCCTGGAG AAGGAGCGAG GCCTGGGTGG GGAGGTACCA GGCAGCCACC480
15 AGGGTCCCGA TCCCTACCGC CAGCTGCGAG AGAAGGACCC CAAGTACAGT GCTCTCCGCC540
AGAATTTCTT CCGCTACCAT GGGCTGTCCT CTCTTTGCAA TCTGGGCTGC GTCCTGAGCA600
ATGGGCTCTG TCTCGCTGGC CTTGCCCTGG AAATAAGGAG CCTCTAGCAT GGGCCCTGCA660
TGCTAATAAA TGCTTCTTCA GAAATGGCAA AAAAAAAAAA AAAAAAT

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 450 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

40 TAATGTTTAA AATTCAATTA GGATTACCT TACTGCTGTA AAATCTGGTC TATTTTAGTT 60
TCCTCTGGGT AGTTAGTGTT GCTAATAAGA TGGACGTAAG TGTTTTTGAA CTGGTGAATT120
CTGATTGCTT TTAGCCCCCA GTTTTCCAAA TAGGGGTGAA TTCTGGGTAG AGATAGAACA180
ATCACCAAGT TACCTTGCTC CAAAAAAGAA ATTTACGTAT GGGATTGTTT TCAAAGCGGG240
45 AAGTTAGCTG TGTAATAAAC AACAATTTTA TATATTTAAT CTGGGCTTCT CCTTATCTTG300
AATGATATAA AAATCTACTT TCTAGATTAA TTTAGTTCCA TATAACTTTG TATTGCTTTG360
ACTGTACTGA TAATAAAGTT TGAAAGTGTT AAATTTAAAA AAGAAAAAAA GAGGCAAAAG420
GAAAGACAAG AAAGGGACCC GGGAGGGATC

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:418 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

cgaagattca aaagctccaa aaacctactg tagacatcga agaaccaata tatacaatgg 60
gccaacaatc cagtgtccgc aggctgaaga ggagcgtccc ctgtgaatcc aacgaggcca120
25 acgaggccaa tgaggccaac aagacgatgc cggagacccc aactggggac tcagaccgc180
aacctgctcc taaaaaaatg aaaacatctg agtcctcgac catactagtg gttcgctaca240
ggaggaacgt gaaaagaaca tctccagagg aactggtgaa tgaccacgcc cgagagaaca300
gaatcaaccc cgaccaaatg gaggaggagg aattcataga aatacgacta aagccttaaa360
30 agtagcaaga agctacatcc ctcaaaactc ggcaatgaaa ataaagtttg agaagctg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE:548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

gggcccgcacat gccacttttcc tgccccagag tttaaacaga aagaagagtg tacaatccgt 60
ggccggagcc tgatacggat gagcatccag gggacacctg gaacctcccc aactccatca120
agaccctggt ggacaacatt cagagatatg tggaagatgg gaagaaccag ctgctcctgg180
10 ccttgctgaa gtgcacagac acggagctgc agctgcgcag agacgcgac ttctgccagg240
ccctggtggc cgccgtgtgc accttctccg agcagctgct ggccggccctg ggctaccgct300
acaacaacaa tggcgagtag gaggagagca gccgcgacgc cagccgcaag tggctggagc360
aggtggcggc cacgggcgct ctgctgcact gccagtcctt gctctcgca ggcacagtga420
aggagggacg ggccatgctg gaggtcatct ggggtgacgt gtcagagctg gacaatttga480
15 ccttctccct ttaaggagc tgggccggga actattttgg gcaagcacca aatgtgtttt540
accgcatt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:999 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

CAAGATGACC TCTCCCGTCT ACGGCACCGA CATGATGGTG GGCATCGGGA CGTCGGATGT 60
45 GGACCTGGAC AAATACCGCC ACACGTTCTG CAGCCTGCTG GGCAGGGATG AGGACAGCTG120
GGGCCTCTCC TACACGGGCC TCCTCCACCA CAAGGGCGAC AAGACCAGCT TCTCGTCGCG180
GTTTCGGCCAG GGCTCCATCA TTGGCGTGCA CCTGGACACC TGGCACGGCA CACTCACCTT240
TTTCAAGAAC AGGAAGTGTA TAGGTGTGGC AGCCACCAAG CTGCAGAACA AGAGATTCTA300
CCCGATGGTG TGCTCCACGG CGGCCCGGAG CAGCATGAAG GTCACCCGCT CCTGTGCCAG360
50 CGCCACTTCC CTCCAGTACC TGTGCTGCCA CCGCTGCGC CACTGCGGCC AGACTCGGGA420
GACACGCTGG AGGGTCTGCC GCTGCCGCCG GGCTCAAGC AGGTGCTACA CAACAAGCTG480
GGCTGGGTCC TGAGCATGAG TTGCAGCCGC CGCAAGGTCC AGTGTCCGAT CCCAGGCAG540

CGACCTCCGC CCACCCCAGC AGTCGCGAGC CTCGGCCCTG CCAGAGGAAG CGCTGCCGCC600
GGACCTGACT GACTTCCCAG TGGAAGTACC TTCTTGGGCT GGGACAGCCC TTCCTCTGT660
CCCTTCTTTC TCTGTCCCTT CCTTCCAGCC AACTTCCAGG GCGGAGTTGG ATGAGGCCCG720
TCCGGAGGGA GCCATCTCTT GCTCCCGAGG CTGGGACAGT CCTTTCTGTG GGGGCTCTAG780
5 GGCCCTCTG CTGCTGTGCT GGGTGGGGAA GCGGCTGCCC TGAGCCCCAG GTCTTGTGGG840
AGGCTGCGAG GACGAGAGCC TGGCTGGAGC CCGCGTTGCT GTTCCCACAG GGCCTCGGTT900
TTTCTAACT TGCTCTGCAT GCTGTCAGCG GCTGCCCCGC CGTCATAGAC TTAAAGGACT960
GCAATAAATG TAGAGTTGAT GTCTAACAAA CAAAAA

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 311 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

35

gggactttct ctgaatgcag atttggttctg aatgttatca ccataggagg atttgatgaca 60
gggagtgcc tgatcaaatt tctgattttt gaatgtgtt tgtaaatagca ggtttgggat120
ggtttgaagg agtagtagac aaaaggctga aaaccctgtc ggagagcagt agtccaggag180
agatgaaact gattgataga atggaaaaga aagggttttga gaggtgtgtt ggggaaggga240
40 ggttggagaa ataactttct gattgcaaaa catgtgttca gacattctgc tcatccttat300
ctatttaatt t

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 527 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```
GAGACCTCTT GCAAGATGCT TCTCTGCCGC CATAGGCTGG AGGTTCCCCG GGAAATTTTC 60
CCTTCCTTCC TAGCTGAGGA AGATCCCTCA CTTCCGCTCG CCGCGCCACC GGTCCCACCT120
CCCCGCCCCC CGCTGGGTCC TAGCGCCGGC CCCTGTTTGG CAGGGTCCGG GCTCCGTCGG180
TGCGAGGAGC CGACGCCGAC GCCACGGAGT CAGCACAAGT CTCATCAGAG AAACCCCGTT240
CACCAAGGCC ATGGAAGTGG AGGCTGCAGA GGCCCGGTCC CCAGCCCCCG GCTACAAGCG300
CTCGGGCCGC CGCTACAAGT GCCTGTCCTG TACCAAGACA TTTCCAAACG CGCCAGGGC360
AGCGCGCCAC GCTGCCACAC ATGGGCCCGC AGACTGCTCT GAAGAGGTGG CCGAGGTGAA420
GCCAAAGCCA GAGACAGAAG CTAAGGCAGA GGAAGCCAGT GGGGAGAAGG TGTCACGGTC480
CGACGCCAAG CCTAGGCCCT TATCGGTGTC CGCTATGCCC CAAGGCC
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:359 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

5 GTTCCAGACA GAAGAAATAG CAAGTGCCGA GAAGCTGGCA TCAGAAAAAC AGAGGGGAGA 60
TTTGTGTGGC TGCAGCCGAG GGAGACCAGG AAGATCTGCA TGGTGGGAAG GACCTGATGA120
TACAGAGGTG AGAAATAAGA AAGGCTGCTG ACTTTACCAT CTGAGGCCAC ACATCTGCTG180
AAATGGAGAT AATTAACATC ACTAGAAACA GCAAGATGAC AATATAATGT CTAAGTAGTG240
ACATGTTTTT GCACATTTCC AGCCCCTTTA AATATCCACA CACACAGGAA GCACAAAAGG300
AAGCACAGAG ATCCCTGGGA GAAATGCCCC GCCGCCATCT TGGGTCATCG ATGAGCCTC

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15 (A) LÄNGE: 1482 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

35

cggggcgctc cggggaggcc aggacagctg atggttgtgc cagaaacatc tcaaggtagc 60
tggtccgccc ccacttcccc atctacctct tgtcctcccc ccaacaccac caccaccctg120
gctccccctc ctcatgaccg cctggatcct cctgcctgtc agcctgtcag cgttctccat180
cactggcata tggactgtgc agcccaaggc tgtgatgaac caccatgtat gccctgtgga240
40 gaactggtcc tacaacgagt cctgccctcc tgaccctgct gagcaagggg gtcccaagac300
ctgctgcacc ctggacgatg tccccctcat cagcaagtgt ggctcctatc ccccagaaa360
ctgcctcttc agcctcattg gcaacatggg tgctttcatg gtggccctga tctgcctcct420
gcgctacggg cagctcctgg agcagagtcg gcactccttg gttaacacca cggcactcat480
cacaggctgc accaacgctg cgggcctctt ggtggttggc aactttcagg tggatcatgc540
45 caggctctctg cactacgttg gagctggcgt ggcttccct gcggggctgc tctttgtttg600
cctgcactgt gctctctcct accaaggggc caccgccccg ctggacctgg ctgtggccta660
tctgcgaagt gtgctggctg tcatgcctt tatcaccctg gtcctcagtg gagtcttctt720
tgtatgatgag agttctcagc tgcaacatgg ggcagccctg tgtgagtggg tgtgtgtcat780
cgatatcctc attttctatg gcaccttcag ctacgagttt ggggcagtct cctcagacac840
50 actggtggct gcactgcagc ctacccctgg ccgggcctgc aagtcctccg ggagcagcag900
cacctccacc cacctcaact gtgccccga gagcatcgct atgatctaag gtctggggag960
ggtggctggc ccggcctcca cagcacccca ccccatatct tctttccatt tatttcgtac1020
caaaaacaat tttgagaaag tattctgttg ggatctgggc ttcctcactt ctggagaagt1080

ggccatccca tgccacactg tgccatggag gagggggccc tgccagctgc cacagctgca1140
tgacctgctt cccaccccca cgggtgctgtt ttgtttttaa aggtcacctg tcctcactca1200
cccagccagc ccttcaggtg ccttctactc ccagtgccaa agccagacca ctgggggtttc1260
ctgctgcagg aattgggggc tgggaacagc agaggggata gaagtctggt ggaggtggag1320
5 tgggcacgcc ttagcctacg gaaaaaccca tttctgggcc cactgagctg cactgggatt1380
cttcactctg cccctcactt ccttttagggc aaataacaca gcagaaccac gtgggtattt1440
tagtactttt ttttatatta aaaaaaaact aaattggcaa aa

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:316 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

35 gaaatccaaa caactgccat tgatttattc atttatttca caaatattta ctgaacgcat 60
ccagcatgct ctgtgggggtg ctgtgctggg gctgggggtg ccaggatgag aaacagccgt120
gtggctgtgc tcttggttcc accagccaga cgagtgttgc ctttgcaagg agaaaggact180
cacaaggctt acacatttgc tgccctcagt tttgcccttt ctcaaataaa tctcacacat240
ccaatctcct tgtggcccat tagggagtat ataatgaaat taagtaaatg aggaattgcc300
40 taaaactaag ggagtt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:369 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```
cttcagccgc attcagcccc tacttacctg gggacccccg ctgggggcacg agagtaccag 60
gggggtaggg cccaaaggga tcagggaag cctctggcct ggagggtatg gggcacgctt120
ccccaagggc ggacccggca ggaggaagcc caggagctgg gtccctgccg ccaggagctg180
ggccctgccca ccaggcccg gctagggaca tggcagggcc tgggcatact gacgctggac240
ttgggcgacc tgggaggcac agggagggga gagatgggcg ggcccgcccc agcgagctgc300
cggccacacc catgcaccga agctcctccc tgccacgccc caaggcggtt gccggagctt360
accgggggt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 591 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

5 ggcgcacccg agccatggcc cagcaggtgt ttatgctgga caccagtgcc tcaccaaaga 60
 caccaaaciaa ctttgaccac gctcagtcct gccagctcat tattgagctg cctcctgatg120
 aaaaaccaaa tggacacacc aagaaaagcg tgtctttcag ggaaattgtg gtgagcctgc180
 tgtctcatca ggtgttactc cagaacttat atgacatctt gttagaagag tttgtcaaag240
 gccctctcc tggagaggaa aagacgatac aagtgccaga agccaagctg gctggcttcc300
 tcagatacat ctctatgcag aacttggcag tcatattcga cctgctgctg gactcttata360
 ggactgccag ggagtttgac accagccccg ggctgaagtg cctgctgaag aaagtgtctg420
 10 gcatcggggg cgccgccaac ctctaccgcc agtctgcgat gagctttaac atttatttcc480
 acgccctggt gtgtgctgtt ctcaccaatc aagaaaccat cacggccgag caagtgaaga540
 aggtcctttt tgaggacgac gagagaagca cggattcttc ccagcagtgt t

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1631 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

gccccagcag gtctccgagc agccactggg acccgtctca gcacatcctg gcctttgaaa 60
 gtctgatata ctgagaggag ggcaggtttt agggccgcag ttccagccag cgtccccagc120
 ctggcttccc tgccatggac tcagtagctc gtggggcttc ttaccacca ccagccccgc180
 45 tggggtgcgg cctggctgtg ggcaaaggag gacttgccctg gagatttgag agaagattcc240
 ttctaccagg gctgctgagg ggccaggcct gcatcagggg ctaggctctg gctgggcccc300
 gaggtgaga ctaaggcttt cgaccctggt gcctccatgt ggatgctgcc tcagacaaag360
 gcagtgagcc ttccctgcca aagtgcccat cccatgggct cggcctcact ggtcactggt420
 agcccatgaa cacgtgtggg cctcggtcac gtggctttga gggcagctctg accaggctag480
 50 accacacgtg ccgtgacagg ggggtgccatt cccctcgcag gctctaattgt gccacatgt540
 agcctggcag tccaaagacc aagaatcaac ttgcaaatct gccattaaac tgctgtgcga600
 cttcaggcat atcactgcct tctctgggct tcagtgtcct tttcatacct agaagtctgc660
 ggtctgaggc tctttgggtt cagacacact gttctaggct tctgtagggg accttgtgat720


```

ctgccgtgcc cctcctccct gttcttttct gtcctcccca cccaccctc agaagctgct780
tgctctgccc ccaggacagg agcttgacgg atgaagtgc gccagccacc caggtgccat840
ttccagtctg acttccagaa atgtgcacca tgtcctagag cacagaccca ttggctggag900
cctcctggga ggggtcaaac catcagctct atgagaaatg cccagaaagg ctttgccgac960
5 tccatccgtc tgtggaggct gcctgcctcc ggggtgggat ggggtggttc tcctccaatt1020
cagacccaag aggtagcccc cgaggcatg tacctggtgg gaagcagctc aggtaccctt1080
gggggttgca gggcccttac gcaggatatt ctctctctct cctctctggg gtgcgtgtgt1140
gcgtgcgcgt gtgcgtgcct atgcttttct ctgtgggcac atcaggatgc ccctcggaga1200
gcatgtgcac gtgtcccccac ctgagcgagc gtgtgtgtgt gtcctctgct gtcccagggt1260
10 tggacgtcta ggggttggtg tgctgtctt ctgccctccc tgagcccaca gggtcagtca1320
atgtatcttc tacgtgcctc tccctctgcc ttctctcaca gtgcccccg ctcagagct1380
caggggtagg ggttctcctg aggggtgcagg ggatccttct catctcctgg accctccagg1440
gactctggt ccctattccc cagctcctag gcagctgagc cgggtccctt aggggagggt1500
accaggagct ttggtgcagg gagctcttgg tggggcaaag ggctggagccc ctgccaggct1560
15 tgtggacatg gttatatgcc cggggagagg ggggtgcagg gcccagggga tggccccca1620
tcccacctct g

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 844 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

tatttttttt tttactgata tattgtagtt taataaaaaca tagtttatac agttcattga 60
45 aaaagtattt taatacaaac accacttata cacaaaacca aatgttgata ttcttggttt120
taaaaattct tgatttctct aaaacactaa gatgctatct caatagagat tgcttcacat180
tttccagttt cttgatctgt gcatgtcaca tgtaaagatc catccctttt catagtaaga240
acagctaata tatcacgtaa tccattttct tttttatcta aatcctggag tacaacctgt300
gcaaacttgg tttcctcttt ggcagagttc ttcccatcag actcatagag ttcaaggcac360
50 actgaagata tgcttccagg ggcttgcaat gtgtgtgtgc ttcgagctgg caaaggagtc420
cctgatggaa acagcactgt gaatctactg gctcctgatt cngtccacac ccttaactaa480
aatatctctg gctgaacact ctatcataag agagtcttcc accaacaggt tttctttccc540
aataagaatt cctgcttcta tagctgcacc aatagggatc acttcatcag gagggataga600

```

attgagaagc tcaacagctg ggaaaagatc tttaatcagt tgctgtagct ttgggattcg660
 agaagaccct ccacaaagga caaccttggt gatatcatct gctgtaaata cattttgatc720
 taagagtcct ctgattgctt ctatacactt attaaaaagt ggagaacaaa gaagttcaaa780
 tcttgctctg gacacattgc aatcaaaatc ttgaccttca tataatgagt caagaaaaca840
 5 gttg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1563 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

aatgtagaga aagtggactc atcccccaag cgttgtctgc cccactctt tctccttgg 60
 gtcccgccat tcttttactg ggcagtcgag ggcattggag gggaagtga tgccctcagc120
 35 ctactcctt ggggccatga agaaaagcta aacagtcctca tggcatctca gaataatgtt180
 ggggtctcca agaagaaagg tgtaagaata acgacatggc tgattaggcg aggccaggat240
 agggctaagg ccaggattcc tggctggcat ccagtcaccc cttctcccat ccttccccct300
 cttcttccac aagtccgcag ccgagacact gtagtctccc agccacagt atgagtggcc360
 tggagactcc actgacctct agatgaaggc ccctggccct gggtcctgtt aattaacctc420
 40 tgggtctttg agtccccag cacaacttc tttcctgtac cctgcggctt ggggtcacag480
 ggcattgccg gaagccacag ctgaggggag cagactgaag cagtgtcca cctctccttc540
 tttagctcag gggttgctgg tctgtggcag gcgccacgag tggccctgtt ggctgttctc600
 agtggcagtc tcttaagttc ccaccacagg cagctcttta tccccctctc ctacttgact660
 ctttctcttg cctgtgcttt tggcctcaa caggcctgct ggtagcgtc agggcgtgag720
 45 gctacactcc tgccctgctt ttctgtctt catggtctgc cagggcatac cttggggagg780
 tggaccaaaag acccaggact ttttgagta gccagtccta cccccagtt gtctttttac840
 caattcaggg tgggagagaa aactgcagca cccagcatg tgagttactc aggtgttggg900
 ggctagaagg gacagtgcgt ttaaacaaca ctacagatc tggccttaaa cctgtggccc960
 cccaagtcta ggagcctcat ctcttctctg cagtcatgcg ggcaggagg cctgaaaggg1020
 50 aaaaccatt cagacaactg ttccccaatc taccagccat ctgcagggg cagtgaccgt1080
 ggccctctcc ctctctaga atgtgccact tatgaagagt gccccatggg gaaaaggagall140
 ctacagctgtc ccttggcagc ttgtgccagt atcccagggc agaagtttcc acaggagcct1200
 cttgcccttg cgcagagcca ctgtgagagg cgggtgggagc caacaccctt gggggagggg1260

gcagtactgc tcggcacatc ccagcatcag gtcagatcat tgaaattaaa aaatgtgaat1320
 taagttcata tccacctttt ggggaagcag gacaaaccac caccacacca agtgtgtgac1380
 ttctccatat cccactgcag tttccatttt ttaaattggga attttcaatc ccctgtgctt1440
 gtctaacgtc tgctttaaaa agtttgagac cctgttactg tttgaaaatg catgcatggt1500
 5 acgatgaatc tccaacctga ggaaaaaaat aaaactcaaa aagctttgtg taaaaaaaaa1560
 aaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1557 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

ctacggtcag ccagggtagc cccatggccc cagcccctac ccccaagggg gctaccaca 60
 35 gggtccttac ccccaagggg gctaccaca gggcccctac ccacaagagg gctaccaca120
 gggcccctac ccccaagggg gctaccaca gggcccatat cccagagcc ccttcggccc180
 ccaacccta tggacagcca caggctcttc caggacaaga ccctgactca cccagcatg240
 gaaactacca ggaggagggt ccccatcct actatgaaa ccaggacttc cctgccacca300
 actgggatga caagagcatc cgacaggcct tcatccgcaa ggtgttccta gtgctgacct360
 40 tgcagctgtc ggtgaccctg tccacgggtg ctgtgttcac ttttgttgcg gaggtgaagg420
 gctttgtccg ggagaatgtc tggacctact atgtctccta tgctgtcttc ttcattctctc480
 tcatcgctcct cagctgttgt ggggacttcc ggcgaaagca cccctggaac cttgttgcac540
 tgcagtcggg cctgaccgcc agcctgtcgt acatgggtgg gatgatcgcc agcttctaca600
 acaccgaggc agtcatcatg gccgtgggca tcaccacagc cgtctgcttc accgtcgta660
 45 tcttctccat gcagaccgc tacgacttca cctcatgcat gggcgtgctc ctggtgagca720
 tgggtggtgct cttcatcttc gccattctct gcatcttcat ccggaaccgc atcctggaga780
 tcgtgtacgc ctactgggc gctctgctct tcacctgctt cctcgagtg gacaccagc840
 tgctgtctgg gaacaagcag ctgtccctga gccagaaga gtatgtgttt gctgcgtga900
 acctgtacac agacatcatc aacatcttcc tgtacatcct caccatcatt ggccgcgcca960
 50 aggagtagcc gagctccagc tcgtgtgccc cgctcagggt gcacggctgg cctggacctt1020
 gccctggca cggcagtgca gctgtacttc ccctctctct tgtccccagg cacagcctag1080
 ggaaaaggat gcctctctcc aacctctctg tatgtacact gcagatactt ccatttgga1140
 ccgctgtggc cacagcatgg cccctttagt cctcccgccc ccgccaaggg gcaccaaggc1200

cacgtttccg tgccacctcc tgtctactca ttgttgcatg agccctgtct gccagcccac1260
cccagggact gggggcagca ccaggtcccg gggagagga ttgagccaag aggtgaggg1320
gcacgtcttc cctcctgtcc cagctcccca gcctggcgta gagcaccct cccctcccc1380
ccacccccct ggagtgtctgc cctctgggga catgcggagt gggggtctta tccctgtgt1440
5 gagccctgag ggcagagagg atggcatgtt tcaggggagg ggggaagcctt cctctcaatt1500
tggtgtcagt gaaattccaa taaatgggat ttgctctctg ccaaaaaaaa aaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1381 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

35 agtactctga cacctccacc ctctacttta ttagaattgg aaggcaaatt tttgtccaaa 60
aacctacaga caagtacttt gagagaattt ccaatataat attagacata atgataattt120
tttccatact cagaatgaaa aactggatat tacgtttttg ttttgggggt tttttgtaca180
aathtagcta atagctacag gctgagagaa ttgtaacata gcatgacaaa ttttgtgttg240
acttgaaagg aatcacacca ttattcctta gaagtaatta catgtgttct aacacatttg300
agacagggtt ggactcccat ttctcatccg agaaattact taacccttcc tggcgctgta360
40 cagtcactct ttattctatt tcctctttgc tgtttgtagt agagacattt tgaatgaaac420
ttggcactgc ttgattcaaa actgtggaaa ccagatctgt ttagtctcct gtttgtatgc480
gtttgctaatt ggtagctaaa taaccagttt ttgttgtaaa tgcaccaatt ctgaaggcac540
tttatgtact acatggagggt catatctgggt tttgttttta tttttttatc atgaacatta600
aatgtgatga tgatttcttt tcctgcaca catctttccg gtgcaatata tatcaattgt660
45 gaatctggct gctggtgtat aaaaacctgg atgtaaagct gagcctacag acctgtcctc720
accaactgtt ttgtgatttc tactcaacta caaagattta tttaatgtac tcttaatcta780
actgagtttt gttaccaatg acctgttgca tgcttcaata ccgtgtactg cctgagttgt840
gcctcttgtg tgctagatta aaagtggagac agagacttga cttgatcctc tgagctcaag900
ctattgagct ggtagtggca gaggactgag ggtacctgca cagtttgatt cttttccacg960
50 tgtaagtctc cattgcagaa ttgtcgtgct ttgagaaaac acctgaggca gtgtgggagt1020
tgaacgaccc tgctgtcctt tttaacctgt gttgtcctag accctgtcgg ggcagtcagg1080
ggacactaga gatttgatct catgcgagtc atcaatagga caaaaagtt gtggtttggg1140
gaggtctggt tggtacataa aaaggacctt tcggtgtaag aaattgccgt ttttaccctg1200

ccctggctgg catgtgagaa gccatggaag gttgtggttg taaatgagtt gtctaaaggg1260
gtgcagaggc ctgaggtttc taaaagaagg tagatttcta cagagctgag tgttggttcc1320
tttttcttat tggttgaaaa ttacctggta gtgatcagaa aacttagatg ctatgtaact1380
a

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 615 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

30

gttgctccag tgtttgaaat aagaagactc atgtttatct ctggagacct tgctggcagt 60
gctagccagg aaacagagtg accaagggac aagaaggac ttgcctaaag ccaccagca120
actcagcagc agaaccaaga tgggccccag gctcctccat atggcccagg gcttaccacc180
ctatcacacg tggccttgct tagaccagt cctgagcagg ggagaggctc ttgagacctg240
35 atgccctcct acccacatgg ttctcccact gccctgtctg ctctgctgct acagaggggc300
agggcctccc ccagcccacg cttaggaatg cttggcctct ggcaggcagg cagctgtacc360
caagctggtg ggcagggggc tggaaggcac caggcctcag gaggagcccc atagtcccgc420
ctgcagcctg taaccatcgg ctgggcccctg caaggcccac actcacgccc tgtgggtgat480
ggtcacggtg ggtgggtggg ggctgacccc agcttccagg ggactgtcac tgtggacgcc540
40 aaaatggcat aactgagata aggtgaataa gtgacaaata aagccagttt ttacaaaggt600
aaaaaaaaa aaac

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 834 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```
ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacaaaggca tgcaggagag120
aacaggagca gccacagcca ggagggagag ctttcccca gcaaacaatc cagagcagct180
gtgcaaacia cgggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt240
cccggagccc acgggtggtca tggctgccag agcgctctgc atgctggggc tggtcctggc300
cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcctg tctgcaaacc agtgtgccgt360
gccagccaag gacagggtgg actgcggcta ccccatgtc accccaagg agtgcaacaa420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tgggtgttca agccctgca480
ggaagcagaa tgcaccttct gaggcacctc cagctgcccc cgcccgggg atgcgaggct540
cggagcaccc ttgcccggct gtgattgctg ccaggcactg ttcattctcag cttttctgtc600
cctttgctcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg660
aataaaggtc ccatgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgagggtg720
tgctttatct ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgcccaggc780
ctcaagggca ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtga tgcaaggata tttt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 997 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

5      tgccctctctg caatagacag ctactgtcaa tacatgctgt aatttgacat tctgggtcac 60
      agatataagg tatttaaaat ctatttatgc tttatagaga aaccagacat taaaacttca120
10     tgcactactt atttcgaatt actgtacctt atccaaattt acacctagct attagatct180
      tcaacccagg taacaggaat aattctgtgg tttcattttt ctgtaaaca ctgaaagaat240
      aattagatca tattctagta tgttctgaaa tatctttaag actgatctta aaaactaact300
      tctaagatga tttcatcttc tcatagtata gagtttactt tgtacacgtt tgaaaccaac360
      tactgtagaa gatgaggaat ctattgtaat tttttgcttt attttcatct gccagtggac420
15     ttatttgaaa ttttcacttt agtcaaatta ttttttgat tagtttttga tgcagacata480
      aaaatagcaa tcatttttaaa ttgtcaaaat ttccagatta ctggtaaaaa ttatttgaaa540
      acaaaacttat gggtaataaa ggctagtcag aaccctatac cataaaagtgt agttaccata600
      cagattaata tgtagcaaaa atgtatgctt gatatttctc aactgtgtta atttttctgc660
      tgtattccag ctgacaaaa caatattaag aatgcatctt tataaatggg tgctaattga720
20     taatggaaat aatttagtaa tggactatac aggatgttaa taatgaagcc atatgtttat780
      gtctggattt aaaaatttta aacaatcatt tactatgtca tttttcttta cctgaagaa840
      cataaaactgt tatttcactt ctacaaatca gcaagatatt atttatggca agaaatattc900
      cattgaaata ttgtgctgta acatgggaaa gtgtaaatgt ttttcatggg ttctatcaat960
      gtgaaataaa atttaattct gaaaaaaaaa agaaaga
25
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
30 (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

caaacagctg gggccaaga tcgtcatcgt gagcaagatg atgaaggacg tggtttctt 60

cctcttcttc ctcgcgtgtg gctggtagcc tatggcgtgg ccacggaggg gtcctgagg120
 ccacgggaca gtgacttccc aagtatcctg cgccgcgtct tctaccgtcc ctacctgcag180
 atcttcgggc agattcccca ggaggacatg gacgtggccc tcatggagca cagcaactgc240
 tcgtcggagc cgggcttctg ggcacaccct cctggggccc aggcgggcac ctgcgtctcc300
 5 cagtatgcca actggctggg ggtgctgctc ctcgtcatct tctgctcgt ggccaacatc360
 ctgctgggtca acttgctcat tgccatgttc agttacacat tcggcaaagt acaggggcaac420
 agcgatctct actggaaggc gcaggttacc gcctcatccg ggaattccac tctcggccc480
 cgctggcccc gccctttatc gtcattctcc acttgcgcc cctgctcagg caattgtgca540
 ggcgagcc

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1448 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

gtatttcgtg agaagttcaa caccaaaact ggaacatagt tctccttcaa gtgttggcga 60
 cacgggcgct tcctgattct ggaatataac tttgtgtaaa ttaacagcca cctatagaag120
 agtccatctg ctgtgaagga gagacagaga actctggggt ccgtcgtcct gtccacgtgc180
 40 tgtaccaagt gctggtgcca gcctgttacc tgttctcact gaaaagtctg gctaagtctc240
 ttgtgtagtc acttctgatt ctgacaatca atcaatcaat ggcctagagc actgactgtt300
 aacacaaacg tctactagcaa agtagcaaca gctttaagtc taaatacaaa gctgttctgt360
 gtgagaattt tttaaaaggc tacttggtata ataacccttg tcatttttaa tgtacaaaac420
 gctattaagt ggcttagaat ttgaacattt gtggtcttta ttactttgc ttcgtgtgtg480
 45 ggcaaagcaa catcttcctt aaatatatat taccaagaaa agcaagaagc agattaggtt540
 tttgacaaaa caaacaggcc aaaagggggc tgacctggag cagagcatgg tgagaggcaa600
 ggcattgagag ggcaagtttg ttgtggacag atctgtgcct actttattac tggagtaaaa660
 gaaaacaaag ttcattgatg tcgaaggata tatacagtgt tagaaattag gactgtttag720
 aaaaacagga atacaatggt tgtttttatc atagtgtaca catttagctt gtggtaaatg780
 50 actcacaaaa ctgattttta aatcaagtta atgtgaattt tgaaaattac tacttaatcc840
 taattcacaa taacaatggc attaaggttt gacttgagtt ggttcttagt attatttatg900
 gtaaataaggc tcttaccact tgcaataaac tggccacatc attaatgact gacttcccag960
 taaggctctc taaggggtaa gtaggaggat ccacaggatt tgagatgcta aggcccccaga1020

gatcgtttga tccaaccctc ttattttcag aggggaaaat ggggcctaga agttacagag1080
 catctagctg gtgcgctggc acccctggcc tcacacagac tcccagtag ctgggactac1140
 aggcacacag tcaactgaagc aggcctggt tgcaattcac gttgccacct ccaacttaaa1200
 cattcttcat atgtgatgct ctttagtcaact aagggttaaac tttcccaccc agaaaaggca1260
 5 acttagataa aatcttagag tactttcata ctcttctaag tcctcttcca gcctcacttt1320
 gagtcctcct tggggttgat aggaattttc tcttgctttc tcaataaagt ctctattcat1380
 ctcattgttta attgtacgc atagaattgc tgagaaataa aatgttctgt tcaacttaaa1440
 aaaaaaaa

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

- (A) LÄNGE: 1163 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

ctcgggcaag tgcttcagcc tgggtggagag tcggaagaga tgcacgggtc ctggaagaga 60
 cctcacactg atccccaggg tccaagcatc tcttccgact ctcgggcaag tgcttcagcc120
 tgggtggagtc cacgtgagtg caggggtgggt gcgagggtgg gctggggcgc agctgcggac180
 40 cccctcatg ccatctgtgt ccccaggtag aagtatgagt tctgcccgtt ccacaacgtg240
 acccagcacg agcagacctt ccgctggaac gctacagtg ggatcctcgg catctggcac300
 gagggtggaga tcgccaacaa caccttcacg ggcatgtgga tgagggacgg tgacgcctgc360
 cggtcccgga gccggcagag caaggtggag ctggcggtg gaaaaagcaa ccggctggcc420
 catgtgtcgg agccgagcac ctgctgtctac gcgctgacgt tcgagacccc cctcgtctgc480
 45 caccctcacg ccttgctagt gtacccaacc ctgccagagg ccctgcagcg gcagtgggac540
 caggtagagc aggacctggc cgatgagctg atcaccccc agggccatga gaagttgctg600
 aggacacttt ttgaggatgc tggctactta aagaccccag aagaaaatga acccaccag660
 ctggaggagg gtcctgacag cttgggggtt gagaccctgg aaaactgcag gaaggctcat720
 aaagaactct caaaggagat caaaaggctg aaagggttgc tcaccagca cgcatcccc780
 50 tacacgaggg ccacagaaac ttccaacttg gagcacttg gccacgagac gccagagacc840
 aagtctccag agcagctgcg ggggtgacca ggactgcgtg ggagtttggt acctgtgtgt900
 gggagagcag aggtggacgc ggccgagagc cctacagaga agctggctgg taggaccgc960
 aggaaccagc tgaccaggct tgtgctcaga gaagcagaca aaacaaagat tcaaggtttt1020

aattaattcc catactgata aaaataactc catgaattcc tgtaaaccat tgcataaatg1080
 tctatagtgt aaaaaaattt aaacaagtgt taactttaaa cagttcgtct acaagtaaat1140
 gattataaat actaaaaaaaa aaa

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

cgaggaccgg ccttgcgagc ggcgacacta taaaatggcg cgtgctgcaa cccgcgcccg 60
 cttcggagag agaaatgctg ggggtgcagct tcaagcttag gaccaccac catgcctatc120
 caggtgctga agggcctgac catcactcat taagaacaga ggaggctgcc tgttactcct180
 35 ggtgttgcac ccctccagac actctgctgt ttcttgcccta ggcgtggctg cagccatggc240
 taggaaagcg ctgccaccca cccacctggg ccagagctgg ttctgctcct gctgcaggga300
 cactgagctg gctatctcgg cgcttcgggc aagaactgca acaggctctc ctgggtcctg360
 caggtgtaca gccgggcccc tgcccttgctg ctcagctctc gagagctgct gctgccgggt420
 gaactgatcc aacctgataa ggtgccatct tcagctacca ctgcaaggcc ctgagggcaa480
 40 cagcagcacg gcactgcccc cccggctgct gatggcctgg tgccagctgg gagtccctccc540
 ggcaacttga ggccactgag ccaccttcc agccccagcc caccatggac aggggtatcc600
 agcttccctcc tcaacctcgt cctctgcccc tgagccagtg acgcccagg acatgcctgt660
 taccaggtc ctgtacaagc actagctggg aaagggcatg acagtgctgg aggccgtcct720
 ggagatccag gccatcactg gcagcaggct gctctccatg gtgccagggc ccgccaggcc780
 45 accaggctca tgctgggacc caacctcagtg cacaaggact tggctgctga gccacacacc840
 caggagaagg tggataagtg ggctaccaag ggcttcctgc aggctagggg aggagccacc900
 ccgctt

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1222 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

tattagatat ggcagaaaaa ccatttccac tatgcaaagt tcttttagac gtcagtga aa 60
atcaactctc atacctcatg gtctctcttt aattgaccaa aaccttccat ttttctctaa120
25 atacaaagcg atctgtgttc tgagcaacct ttccccgaac acacagcttc agtgcagcac180
gctgacctga gtatccacca tgtgccaggc acagtgtctg gcacacgagg caccaaggtc240
cgggccacct gccgcagca aggccagct gaggtggtg agggagcccc tgaggtcagg300
ggccgttttcg gttcagggtg gcagggtgtc agcactgggg tatggcgtcg aggcttccat360
ggggtggggg aggccagctt ccttctgaca ggatgggccc atacagtgcc tgggtgtgatt420
30 tgtgcacaac ccgtgttcca ggtgcacatc ctcccaagga gacaccaga cccttccagc480
acgggccggc caagttgctg cggcggaggc agcatttcag ctgtgaggaa ggtcattgga540
ttcatgtgtt ttatctgtaa aaatggtgtt cttaacttct taacctcata ttggttaagt600
attgataaaa attggttggg gtttcatgac atgtggactt cttttgaaat agcaagtcaa660
atgtagtgtg caaattgtgg aagagatttc tgtcaaata gaaatgtgta agttcgtcta720
35 aaagctgatg gttatgtaag ttgtcaggc actcagatga cagcagattc tgggttctgg780
gagtgttctg tgcctcttac atgccttga ggctcatgg tctcagtgtc gaggcggcac840
acctgtagca cacctgcgta atgtgcgtc tgggccagtc acaaggaatt gtgttgtcta900
agccaaaggg ggaagctgac tgtgatttac caaaaaaat tctgtaattc aaacaaaaat960
gtctgcggaa tcaccagttt gatactctct gtaatcagaa cagtgggcag tgcctgggtg1020
40 aacgtgtcta gcagccactg tgcgggatcg ctgtaacagg agtggaatgt acatatttat1080
ttacttttct aactgtctca acagccaaat gcctttttta tgaccattgt attcagttca1140
ttaccaaaga aatgtttgca ctttgtaatg atgcctttca gttcaaataa atgggtcaca1200
ttttcaaatg gaaaaaaaaa aa

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 649 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

20 agatattatg gatgggtgaag ggaatgggtat agaattggag agattatctt actgaacacc 60
tgtagtccca gctttctctg gaagtgggtg tatttgagca ggatgtgcac aaggcaattg120
aaatgcccat aattagtttc tcagctttga atacactata aactcagtgg ctgaaggagg180
aaattttaga aggaagctac taaaagatct aatttgaaaa actacaaaag cattaactaa240
aaaagtttat tttccttttg tctgggcagt agtgaaaata actactcaca acattcacta300
tgtttgcgag ggattaacac aaataaaaga tgccttttta cttaaacacc aagacagaga360
25 acttgcccaa tactgagaag caacttccac tagagagga actgttaaat gttttcaacc420
cagttcatct ggtggatgtt tttgcagggt actctgagaa ttttgcttat gaaaaatcat480
tatttttagt gtagttcaca ataattgtatt gaacatactt ctaatcaaag gtgctatgtc540
cttggtgatg gtactaaatg tgtcctgtgt acttttgac aactgagaat cctgcagctt600
30 ggtttaatga gtgtgttcat gaaataaata atggaggaat tgtcaaaaa

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

5
 10
 15
 20
 25

```

ccccactcca cccagggatc ctggtgtacg ggctgacctg ttatgctttt ctgcccttcg 60
gccctttggg gagccacggc gggaggtgga gatccaccgg cgatatgtgg ccagtcggt120
ccagctcttt attctctact tcttcaacct ggccgtgctt tccacttacc tgccccagga180
tacctcaaaa ctgctccctc tgctcactgg tctctttgcc gtctcccggc tgatctactg240
gctgaccttt gccgtgggccc gctccttcgc aggcctcggc tacggcctga cgtttctgcc300
actgctgtcg atgctgatgt ggaacctcta ctacatgttc gtgggtggagc cggagcgcat360
gctcactgcc accgagagcc gcctggacta cccggaccac gcccgctcgg cctccgacta420
caggccccgc ccctggggct gagcctctcc gccctcgccc tcggagtagg gggtagcggc480
ttgggtctga cacatctttg aaccttgtgg ccaggcctgg acttcgcccc caggcctagg540
15 accgcggtgg gtggaaccct gctactgccc caacaggac tccaatcaat cggagtctc600
cccttgccgg agctgccctt cacttttggg gcccagagaca gtcataaggg atggacttag660
ttttcttgca gggaaaaaagg tggacagccg tgtttcttaa ggatgctgag ggcattgggg720
caggaccagg ggagaggcac agctccttcc tgagcagcct ctcaccactg ccacaaggct780
ccctaagtct ggtctctgct ccactccccg gcttcccgtg aggcaggagg cagagccaca840
20 gccaggccc tgaccacttc tgtgccagtt gtctaagcag agcgctcag ggacgctgga900
aatgccttaa ggatagaggc tgggcatcac atcaaatggg actgtggtgt ttggtgaaaa960
ccttcctgag gatctggatt caggaccctc catgactggc ctatttactg ttacagctg1020
gccagtgcag agctgctgct cttttacctt tttaggcccc tgtaacttcc cacctttaaa1080
ctgcccagaa ggcatgcctc tcccacagga agaggggagc agacagggaa atctgcctac1140
25 caagaggggt gtgtgtgtct ttgtgcccac acgtggtggc tggggagtgc ctggatggtg1200
cggtggttga gttaacctg gtgtgt

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1036 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

5 aactgatatt gggaagtttg gttgaggttc aagtgtgact ccttccagag ccacaggtag 60
gggagtgtga agttgagggg gaggaaagct ggaaggactc tgccttgga gattcccagc120
tctgctttcc agcgcttggg ggaatctggg ctggggaaag acggcaccgg gaaactctgc180
ttccccattg ttcccatctg atcagctgtg gtgtgaggac ttctcagaca aaggcaaggc240
ctcgtgcccc tgcccagccc attcatggag ccctgggcct tcttggttc catagatcct300
aagctcttga ctgtagttaa gccagacttg ttttgctatc ttataagcag ttcagaatta360
10 gggaatgctg gttttgaaga gcaaaggaca ggtagtctag agagggtcgt ctggcctgct420
tgctgggtct ttgtaaccca gcacttcctc ttgccctcct ggctttatgt ttatggggag480
aggactcaat agctccaccc cttctggcac cagatggggc ttggttagtt tgcaataagc540
accttgcaag ggtaaagcc agcgggtccc tagtcttagg ccagcctgc ttgtgtgggc600
tctggcctgg cctggtggct ggcccagggg gcagcagtgc ttagagcttc tgcagggtt660
15 ctcttgttta cacagctgca tcagacaatg ccatttctcc ccaccacgga accttccatc720
taagatttct tccagggaat gccagcaatc aggcagcacc cagctgtggg ggcagtgggg780
tgggggagac ccacattgat gacttttttt ttttctttta atgaagaaac accaaagaaa840
gctgtggaaa ggacctgccc cacatgaaaa ggataagcca agatggctgt aaacacagag900
catttgagct gccactcttg gagcacattg atttttcaaa agccagctct gtcaggaaag960
20 gaggtgctgt tatgagcagc tcttccagtg ggcaaagagg acgcccataa tttcttccat1020
tgctagctca tctgtg

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 758 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

50 CGGCACGAGC TCCCATGGGA CCTAGGTTTC AGCGGCCGCT GCGATGACCA AAATAAAGGC 60
AGATCCCGAC GGGCCCGAGG CTCAGGCGGA GGCGTGTTCC GGGGAGCGCA CCTACCAGGA120
GCTGCTGGTC AACCAGAACC CCATCGCGCA GCCCTGGCTT CTCGCCGCT CACGCGGAAG180
CTCTACAAAT GCATCAAGAA AGCGGTGAAG CAGAAGCAGA TTCGGCGCGG GGTGAAAGAG240

5 GTTCAGAAAT TTGTCAACAA AGGAGAAAAA GGGATCATGG TTTTGGCAGG AGACACACTG300
CCCATTGAGG TATACTGCCA TCTCCCAGTC ATGTGTGAGG ACCGAAATTT GCCCTATGTC360
TATATCCCCT CTAAGACGGA CCTGGGTGCA GCCGCAGGTC CAAGCGCCCC ACCTGTGTGA420
TAATGGTCAA GCCCCATGAG GAGTACCAGG AGGCTTACGA TGAGTGCCTG GAGGAGGTGC480
10 AGTCCCTGCC CCTACCCCTA TGAGGGGCTC CGGTAGCACC TGGGCACCTG CCGCTGGAAG540
CTATTGGGCT GGCAGCAGGA CGACTGGCTG TCCTCCTGCC CACCCACACT GACGGCATCT600
TCCCAGTTCC CCAAGGCACG CTTTCTTCCC AGGCAGCTCT AACAGCCCTT TCATGAAGGT660
AATGCTAGTC TTCTGTCCAT CAGTGCCATT TCCTGTAGAA CTAAAGGCTG TTCCAAGAAT720
GTGGGGTGGG GAAAGTAAAT GCTAAGACTA AAAAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

30 MVVEVPRWSN AKMEIATKDP LNPIKQDVKK GKLRYVANLF PYKGYIWNYG AIPQTWEDPG 60
HNDKHTGCCG DNDPIDVCEI GSKVCARGEI IGVKVLGILA MIDEGETDWK VIAINVDDPD120
AANYNDINDV KRLKPGYLEA TVDWFRRYKV PDGKPENEFA FNAEFKDKDF AIDIKSTHD180
35 HWKALVTKKT NGKGISCMT TLSESPFKCD PDAARAIVDA LPPPCESACT VPTDVKWFH240
HQKN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

5 MEYTLDLQLE ALTPQGGRRP LTRRVQLLRP LSRVEILPVP YVTEASRLT VLLPLAAAERD 60
LAPGFLEAFA TAALEPGDAA AALTLLLLYE PRQAQRVAHA DVFAPVKAH VAELERRFPGA120
RVPWLSVQTA APSPLRLMDL LSKKHPLDTL FLLAGPDTVL TPDFLNRCR MHAISGWQAFF180
PMHFQAFHPA VAPPQGGPP ELGRDTGRFD RQAASEACFY NSDNGSPWA PGGS

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

30

RNLLHLPLAI VERQLRYCAE WTL MAYPTS ILYSLYSDGP RIRLWNLPLP HMPLGS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

VQGSSRSRLV SRAEFGSSGS SFEESEQETMK RQLGRLLLLR RVLDPLLCDF LDSQDSGSLC 60
FCFRWLLIWF KREFFPDVL RLWEVLWTGL PGNLHLLVA CAILDMERDT LMLSGFGSNE120
ILKHINELTM

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

25

HKYGYKLQVS AFLNGNGSGE GTHLSLYIRV LPGAFDNLE WPFARRVTFS LLDQSDPGLA 60
KPQHVTEFTH PDPNWKNFQK PGTWRGSLDE SSLGFGYPKF ISHQDIRKRN YVRDDAVFIR120
AAVELPRKIL S

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

50

SPKVQNHRCF QAPKKGRANP RMTAQFAPSY RQQHSHPGGP RPSLGTVGPP NAETDITANT 60
HHLQGMQKPS SKISTKIN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 314 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66:

20 VIFYLYNKVY LHGSFDFDPS QQRHCTSASS RFGSSLPVPY VTEASRLTVL LPLAAAERDL 60
APGFLEAFAT AALEPGDAAA ALTLLLLLYEP RQAQRVAHAD VFAPVKAHVA ELERRFPGAR120
VPWLSVQTAA PSPLRLMDLL SKKHPLDTLF LLAGPDTVLT PDLNRCRMH AISGWQAFFP180
MHFQAFHPAV APPQGPPE LGRDTGRFDR QAASEACFYN SDYVAARGRL AAASEQEEEL240
25 LESLDVYELF LHFSSLHVLR AVEPALLQRY RAQTCSARLS EDLYHRCLQS VLEGLGSRTQ300
LAMLLFEQEQ GNST

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

KQASLAAWRS KRPVSRPSSG GPGPCGGATA GWKAWKCMGK KACQPEMACM RQFRKSGVS 60
TVSGPASRNS VSSGCFLESR SMRRSGEGAA VCTLSHGTRA PGKRRSSSAT WALTGAKTSA120
50 WATRWAWRGS YSSSRVRAAA ASPGSSAAVA KASKKPGARS RSAAARGSST VRREASVT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

PPSSLSFQPH HPSSMVTAMG

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren

30 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

45 LGETHEGTRP RRVAVHPGAW E

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71:

DGPSTGLVRC LGHANVGDLR LRLPAFPKPS PTYLRTSAEQ TLPLLLPHLH GLCLHQPLHL 60
GFTACLGAH ILGGQPALPA VPEPYAGHCQ RPLAGTPHHS CHVGPNRGE GARPGWGGTR120
QPPGSRSLPP AAREGPQVQC SPPEFLPLPW AVLSLQSGLR PEQWALS RWP CPGNKEPLAW180
20 ALHANKCFFR NGKKKKKN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

NLVYFSFLWV VSVANKMDVS VFELVNSDCF

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

15 NNHQVTLLQK RNLRMGLFSK REVSCVNNNN FIYLIWASPY LE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75:

35

KIQKLQKPTV DIEEPIYTMG QQSSVRLKR SVPCESENEAN EANEANKTMP ETPTGDSDPQ 60
PAPKKMKTSE SSTILVVRYR RNVKRTSPEE RVNDHARENR INPDQWRR

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

GPACHFPAPE FKQKEECTIR GRSLIRMSIQ GTPGTSPTPS RPWTTTFRDM WKMGR TSCSW 60
PC

10

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO77:

30

SAQTRSCSCA ETRSSARPWW PPCAPSPSSC WRPWATATTT MASTRRAAAT PAASGWSRWR 60
PRASCCTASP CSRERQ

35

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

5 QDDLRLRHR HDGGHRDVGC GPGQIPPHVL QPAGQG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 167 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

30 GQLGPLLHGP PPPQGRQDQL LVAVRPGLHH WRAPGHLARH THLFQEQEVY RCGSHQAAEQ 60
ELILPDGVLH GGPEQHEGHP LLCQRHFPPV PVLPPPAPLR PDSGDTLEGL PLPPGLKQVL120
HNKLGWVLSM SCSRRKVQCP IPRQRPPPTP AVASLGPARG SAAAGPD

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

AECLNTCLAI RKLFLQPPFP NTPLKTFLFH SITQFHLSW TTALRQGFQP FVYYSFKPSQ 60
TCYYKQHSKI RNLIMALPVT NPPMVITFRT NLHSEKV

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

25

LRKIPHFRSP RHRSHLPAPR WVLAPAPVWQ GPGSVGARSR RRRHGVSTSL IRETPFTKAM 60
EVEAAEARSP APGYKRSRR YKCLSCTKTf PNAPRAARHA ATHGPADCSE EVAEVKPKPE120
TEAKAEEASG EKVSRSDAKP RPLSVSAMPQ G

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

50

RLIDDPWRWP GISPRDLCAS FCASCVCGYL KGLEMCKNMS LLRHYIVILL FLVMLIISIS 60
ADVWPQMVKs AAFLISHLCI IRSFPPCRSS WSPSAAATQI SPLFF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 304 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

WLCQKHLKVA GPPPLPHLPL VLPPTPPPPW LPSLMTAWIL LPVSLSAFSI TGIWTVQPKA 60
VMNHHVCPVE NWSYNESCPE DPAEQGGPKT CCTLDDVPLI SKCGSYPPES CLFSLIGNMG120
AFMVALICLL RYGQLEQSR HSWVNTTALI TGCTNAAGLL VGNFQVDHAR SLHYVGAGVA180
25 FPAGLLFVCL HCALSYQGAT APLDLAVAYL RSVLAVIAFI TLVLSGVFFV HESSQLQHGA240
ALCEWVCVID ILIFYGTFSY EFGAVSSDTL VAALQPTPGR ACKSSGSSST STHLNCAVES300
IAMI

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

30

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

MCKPCESFLL AKATLVWLK PRAQPHGCFS SWHPQPQHST PQSMLDAFSK YL

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

20 APATALGRGR EELRCMGVAG TALGRARPSL PSLCLPGRPS PASGCPGPAM SLARPGWQGP 60
APGRQDPAPG LPPAGSALGE ACPIPSRPEA SPDPFGPYPP GTLVPQPGSP GK

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 192 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

45 MAQQVFMLDT QCSPKTPNNF DHAQSCQLII ELPPDEKPNG HTKKSVSFRE IVVSLLSHQV 60
LLQONLYDILL EEFVKGPSPG EEKTIQVPEA KLAGFLRYIS MQNLAVIFDL LLD SYRTARE120
FDTSPGLKCL LKKVSGIGGA ANLYRQSAMS FNIYFHALVC AVL TNQETIT AEQVKKVLFE180
DDERSTDSSQ QC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

PCPQTWQGSS PLPHQELPAP KLLVTSPKGP GSAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

TLPGGSSQWV CALGHGAHFW KSDWKWHLGG WLHFIRQAPV LGAEQAASEG GVGRTKRE 60
EGHGRSQGPL QKPRTVCLNP KSLRPQTSRY EKDTEAQRQ

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

15 NVEKVDSSPK RCLPPLFPPW VPPFFYWAVE GIGGEVTALS LTPWGHEEKL NSLMASQNNV 60
GSPKKKGVRI TTWLIRRGQD RAKARIPGWH PVTPSPILPP LLPQVRSRDT VVSQPO

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 321 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

40 TVSQGSPMAP APTPKGATHR VPTPKGATHR APTHKRATHR APTPKGATPR GHIPRAPSAP 60
NPYGGPQVFP GQDPDSPQHG NYQEEGPPSY YDNQDFPATN WDDKSIRQAF IRKVFLVLT 120
QLSVTLSTVS VFTFVAEVKG FVRENVWTYY VSYAVFFISL IVLSCCGDFR RKHPWNLVAL 180
QSVLTASLSY MVMGMIASFYN TEAVIMAVGI TTAVCFTVVI FSMQTRYDFT SCMGVLLVSM 240
VVLFIFAILC IFIRNRILEI VYASLGALLF TCFLAVDTQL LLGNKQLSLS PEEYVFAALN 300
LYTDIINIFL YILTIIGRAK E 321

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

15 YSDTSTLYFI RIGRQIFVQK PTDKYFERIS NIILDIMIIF SILRMKNWIL RFCFGVFLYK 60
FS 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60
SRIPGVPWCF KPLQEAECTF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MSGFKNFKQS FTMSFFFTLK NINCYFTSTN QQDIIYGKKY SIEILCCNMG KCKCFSWFLS 60
M

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

35

MHYLFTRITVP YPNLHLAIRI FNPGRNNSV VSFFCKQLKE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

MARNIPLKYC AVTWESVNVF HGFYQCEIKF NSEKKKK

10

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

30 MKIKQKITID SSSSTVVGFK RVQSKLYTMR R

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

MIAIFMSASK TNTKNNLTKV KISNKSTGR

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

25

MDVALMEHSN CSSEPGFWAH PPGAQAGTCV SQYANWLVL LLVIFLLVAN ILLVNLLIAM 60
FSYTFGKVQG NSDLYWKAQV TASSGNSTLG PRWPRPLSSS PTCASCSGNC AGE

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

MPTGWWCCSS SSSCSWPTSC WSTCSLPCSV THSAKYRATA ISTGRRRLPP HPGIPLSARA 60
50 GPALYRHLPL APPAQAIQVA S

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

MAMSKLTSRM LATSRKMTRS STTSQLAYWE TQVPAWAPGG CAQKPGSDEQ LLCMRATSM 60
SSWGICPKIC R

- 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

45 MLRPQRSFDP TLLFSEGKMG PRSYRASSWC AGTPGLTQTP E

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

MNRDFIEKAR ENSYQPQGL KVRLEEDLEE YESTLRFYLS CLFWVGKFNL SD

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

MNFVFFYSSN KVGTDLSTTN LPSHALPLTM LCSRSAPFWP VCFVKNLICF LLFLVIYI

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 296 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

15 LGQVLQPGGE SEEMHGSWKR PHTDPQGSI SSDSRASASA WWSPRECRVG ARVGWGAAAD 60
PPHAICVPRY KYEFCPFHNV TQHEQTFRWN AYSILGIWH EWEIANNFT GMWMDGDAC120
RSRSRQSKVE LACGKSNRLA HVSEPSTCVY ALTFETPLVC HPHALLVYPT LPEALQRQWD180
QVEQDLADEL ITPQGHEKLL RTLFEDAGYL KPTPEENEPTQ LEGGPDLSGF ETLNCRKAH240
KELSKIKRL KGLLTQHGIP YTRPTETSNL EHLGHETPRA KSPEQLRGDP GLRGSL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

40 IFLHYRHLCN GLQEFMELFL SVWELIKTLN LCFVCFSEHK PGQLVPAGPT SQLLCRALGR 60
VHLCSPTTRS QTPTQSWVTP QLLWRLGSGR LVAQVLQVGS FCGPRVGDAV LGEQTFQPF120
LL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

15

QGVGVADEGG LERQRVDAGA RLGHMGQPVA FSTRQLHLAL PAPGTAGVTV PHPHAREGVV 60
GDLPLVPDAE DPTVGVPAEG LLVLGHVVER AELILVPGDT DGMRGVRS CA PAHPRTHPAL120
TWTPPG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

40

MARKALPPTH LGQSWFCSCC RDELAISAL RARTATGSPG SCRCTAGPLP CASALESCCC 60
RVT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

10 MTVLEAVLEI QAITGSRLLS MVPGPARPPG SCWDPTQCTR TWLLSHTPRR RWISGLPRAS 60
CRLGEE

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

35 MLGCSFKLRT THHAYPGAEG PDHSLRTEE AACYSWCCIP PDTLLFPA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

MSLGVTGSGA EDEVEEEEAGY PCPWWAGAGR VAQWPRSAGR TPSWHQAISS RVGSAVLLLP 60
SGPCSG

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

30

MAAATPRQET AECLEGCNTR SNRQPPLFLM SDGQALQHLD RHGGWS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

35

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

MVRPFSTWIG MVGGPKLEAA PQHFSLRSGR GLQHAPFYSV AARKAGP

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

25 MVGWGWKGGG VASKCREDSQ LAPGHQQPGG QCRAAVALRA LQW

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

IQSDLCSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHVPG TVLGTRGTKV RATCPQQGPA EVVEGAPEVR 60
GRFGSGWQVS STGVWRRGFH GVGEASFLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHPDPSS120
TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLTYSW

50

IQSDLCSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHVPG TVLGTRGTKV RATCPQQGPA EVVEGAPEVR 60
GRFGSGWQVS STGVWRRGFH GVGEASFLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHPDPSS120
TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLTYSW

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

25 MCQAQCWAHE APRSGPPARS KAQLRWWREP LRSGAVSVQG GRCPALGYGV EASMGWGRPA 60
SF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

MASRLPWGGG GQLPSDRMGA YSAWCDLCTT RVPGAHPPE TPRPFQHGPA KLLRRRQHFH 60
CEEHWHIVF YL

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

MNPMTFLTAE MLPPPQQLGR PVLEGSGCLL GRMCTWNTGC AQITPGTVCA HPVRRKLASP 60
TPWKPRRHPT VLDTCHPEPK RPLTSGAPST TSAGPCCGV ARTLVPRVPS TVPGTWWILR120
SACCTEAVCS GKGCEHRSI CI

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 26 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

MFSTQFIWWM FLQVTLRILL MKNHYF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

15 MPFYLNKTE NLPNTEKQLP LERELNVFN PVHLVDVFAG YSENFAYEKS LFLV

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

MGISIALCTS CSNTTTSRES WDYRCSV

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

10 MNTLIKPSR ILSCAKVHRT HLPYTRT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

15 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30

MLFCPSALWG ATAGGGDPPA ICGVGPALY SLLLQPGRAF HLPAPGYPT APSAHWSLCR 60
LPADLLADLC RGPLLRLRL RPDVSATAVD ADVEPLLHVR GGAGAHACH REPPGLPGPR120
PLGLRLQAPP LGLSLALAL GVGGSLGLT HL

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 MTGLFTVYSW PVQSCCSFTF LGPCNFPPLN CPEGMPLPQE EGSRQGNLPT KRGVCVFVPT
RGGWGVPGWC GG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- 10 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

25 MDLVFLQGKR WTAVFLKDAE GMGPGPGERH SSFLSSLSP L PQGSLMLVSA PLPGFP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- 30 (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

45 MPAIRQHPAV GAVGWGRPTL MTFFFSFNEE TPKKAVERTC PT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

50

- 5 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

20 MAVNTEHLSC HSWSTLIFQK PALSGKEVLL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- 25 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

40 MKRISQDGCK HRAFEPLLE HIDFSKASSV RKGAVMSSS SSGQRGRP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- 45 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

10 MLCVYSHLGL SFSCGAGPFH SFLWCFFIKR KKKSHQCGSP PPHCPHSWVL PDCWHSLEEI 60
LDGRFRGG EK WHCLMQLCKQ EKPCRSSKHC CPLGQPPGQA RAHTRSLGLR LGTRWL

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

MEAKKAQGSM NGLGRGTRPC LCLRSPTTA DQMETMGKQS FPVPSFPSPD STKRWKAELG 60
ISQGRVLP AF LPLNFTLPYL WLWKESHLNL NQTSQYQ
35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
40 (B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

5 RHELPWDLGF SGRCDQNKG RSRRARGSGG GVFRGAHLPG AAGQPEPHRA ALASRRLTRK 60
LYKCIKKAVK QKQIRRGVKE VQKFVNKGEK GIMVLADTL PIEVYCHLPV MCEDRNLPYV120
YIPSKTDLGA AAGPSAPPV

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

30 WSSPMRSTRR LTMSAWRRCS PCPYPYEGLR

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

50

HLGTCRWKLL GWQQDDWLSS CPPTLTASSQ FPKARLLPRQ L

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

20 QPFHEGNASL LSISAISCRT KGCSKNVGWG K

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1663 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142:

GGTGGGTGGA GCCAGGCTTG GCGGGCTGTG CGTGCTCGCG GTGGGCGGTG GCGGCGGCTG 60
CCTCGCGAAG GTTCGAGATC CGTCGCGTGC GGGAGGCGGG CCGCGATCTT GCGCAGGGTC120
GGTGTGGGCG CAGGCTGCAG CGCCGCGACT CGTGCGGGTA GGGCTCTGCG CTCGGTTTGA180
GGGCTCGGCG CGGGGTTTCC TGTTCTTCT TCTGCGCGGC TGCAGCTCGG GACTTCGGCC240
5 TGACCCAGCC CCCATGGCTT CAGAAGAGCT ACAGAAAGAT CTAGAAGAGG TAAAGGTGTT300
GCTGGAAAAAG GCTACTAGGA AAAGAGTACG TGATGCCCTT ACAGCTGAAA AATCCAAGAT360
TGAGACAGAA ATCAAGAACA AGATGCAACA GAAATCACAG AAGAAAGCAG AACTTCTTGA420
TAATGAAAAA CCAGCTGCTG TGGTTGCTCC CATTACAACG GGCTATACGG TGAAAATCAG480
TAATTATGGA TGGGATCAGT CAGATAAGTT TGTGAAAATC TACATTACCT TAACTGGAGT540
10 TCATCAAGTT CCCACTGAGA ATGTGCAGGT GCATTTTACA GAGAGGTCAT TTGATCTTTT600
GGTAAAGAAT CTAAATGGGA AGAGTTACTC CATGATTGTG AACAATCTCT TGAAACCCAT660
CTCTGTGGAA GGCAGTTCAA AAAAAGTCAA GACTGATACA GTTCTTATAT TGTGTAGAAA720
GAAAGTGGAA AACACAAGGT GGGATTACCT GACCCAGGTT GAAAAGGAGT GCAAAGAAAA780
AGAGAAGCCC TCCTATGACA CTGAAACAGA TCCTAGTGAG GGATTGATGA ATGTTCTAAA840
15 GAAAATTTAT GAAGATGGAG ACGATGATAT GAAGCGAACC ATTAATAAAG CCTGGGTGGA900
ATCAAGAGAG AAGCAAGCCA AAGGAGACAC GGAATTTTGA GACTTTTAAAG TCGTTTTGGG960
AACTGTGATG TGATGTGGAA ATACTGATGT TTCCAGTAAG GGAATATTGG TGAGCTGCAT1020
ATATAAATTT GACAGATAGC TATTTACATA GCCTTCTAAG TAAAGGCAAT GAATTCTCCA1080
TTTCCTACTG GAGGATTTAT TTAAATAAAA TATGCTTATT AAACACTCCT GCAAAGATGG1140
20 TTTTATTAGT ACCCTGGTCA TTTTGTTCOA GGAAGGGTTA TATTGCATTC TCACGTGAAA1200
TATAAAAAGC AAGTCTTGCC CAATAAAAAC GCTACATTGT GTGTATTTTT TGTTTCAGCTA1260
AGAATTGGAA AAGTATTTGC TTGCCTTTTA AGTTACTGAC ATCAGCTTCC ACCAGTGTA1320
AAATTGAGTA AAACCTGAAG TTTTGCATAA AATGCAAATC GGTGCCTGTG CTTGAAGGTT1380
GCTGTAGAGC ATCTGACCCC TTATTACCAC CTTAAGCAAT GTATATGCCA TGCATTACCA1440
25 TGACTAATT CAATCACAGG TGTTTCTATC TAGATTTAAA TATATTTGTC AATGAATGTG1500
GAATAGAAAA TCTAAACATG ACAATAATAG ACATATCTTT GTATGGTACC AGTTAGTTTT1560
GCCGTGGATC AGATGGTTTA TAAAAGTAAT AACCATAAAG CAAAAAATAA TTTGAAAGCC1620
CGTCTATTCC TATGCTCAAT AAAGTTAAGT TTTTCTTCAT TAA

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

(A) LÄNGE: 312 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

50

VGGARLGGGLC VLAVGGGGGC LAKVRDPSRA GGGPRSCAGS VWAQAAAPRL VRVGVCARFE 60
GSARGFLFLL LRGCSGLRP DPAPMASEEL QKDLEEVKVL LEKATRKRVR DALTAEKSKI120

ETEIKNKMQQ KSQKKAELLD NEKPAAVVAP ITTGYTVKIS NYGWDQSDKF VKIYITLTGV180
HQVPTENVQV HFTERSFDLL VKNLNGKSYS MIVNNLLKPI SVEGSSKKVK TDTVLILCRK240
KVENTRWDYL TQVEKECKEK EKPSYDTETD PSEGLMNVLK KIYEDGDDDM KRTINKAWVE300
SREKQAKGDT EF

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2105 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144:

30

CAGGACTTCA TCGGCGGAGA GCCCAGCCCC GGCCGCTACT GCCACGGAGG CTTTGGGGTG 60
CTGCTGTCGC GCATGCTGCT GCAACAACATG CGCCCCCACC TGGAAGGCTG CCGCAACGAC 120
ATCGTCAGTG CGCGCCCTGA CGAGTGCGTG GGTCGCTGCA TTCTCGATGC CACCGGGGTG 180
35 GGCTGCACTG GTGACCACGA GGGGGTGAC TATAGCCATC TGGAGCTGAG CCCTGGGGAG 240
CCAGTGCAAG AGGGGGACCC TCATTTCCGA AGTGCCCTGA CAGCCCACCC TGTGCGTGAC 300
CCTGTGCACA TGTACCAGCT GCACAAAGCT TTCGCCCCGAG CTGAACTGGA ACGCACGTAC 360
CAGGAGATCC AGGAGTTACA GTGGGAGATC CAGAATACCA GCCATCTGGC CGTTGATGGG 420
GACCGGGCAG CTGCTTGGCC CGTGGGTATT CCAGCACCAT CCCGCCCGGC CTCCCGCTTT 480
40 GAGGTGCTGC GCTGGGACTA CTTACCGGAG CAGCATGCTT TCTCCTGCGC CGATGGCTCA 540
CCCCGCTGCC CACTGCGTGG GGCTGACCGG GCTGATGTGG CCGATGTTCT GGGGACAGCT 600
CTAGAGGAGC TGAACCGCCG CTACCACCCG GCCTTGCGGC TCCAGAAGCA GCAGCTGGTG 660
AATGGCTACC GACGCTTTGA TCCGGCCCGG GGTATGGAAT ACACGCTGGA CTGTCAGCTG 720
GAGGCACTGA CCCCCAGGG AGGCCGCCGG CCCCTCACTC GCCGAGTGCA GCTGCTCCGG 780
45 CCGCTGAGCC GCGTGGAGAT CTTGCCCTGTG CCCTATGTCA CTGAGGCCCTC ACGTCTCACT 840
GTGCTGCTGC CTCTAGCTGC GGCTGAGCGT GACCTGGCCC CTGGCTTCTT GGAGGCCTTT 900
GCCACTGCAG CACTGGAGCC TGGTGTATGCT GCGGCAGCCC TGACCCTGCT GCTACTGTAT 960
GAGCCGCGCC AGGCCAGCG CGTGGCCCAT GCAGATGTCT TCGCACCTGT CAAGGCCCAT1020
GTGGCAGAGC TGGAGCGGCG TTTCCCGGT GCCCGGGTGC CATGGCTCAG TGTGCAGACA1080
50 GCCGCACCCT CACCACTACG CCTCATGGAT CTA CTCTCCA AGAAGCACCC GCTGGACACA1140
CTGTTCCCTGC TGGCCGGGCC AGACACGGTG CTCACGCCTG ACTTCCTGAA CCGCTGCCGC1200
ATGCATGCCA TCTCCGGCTG GCAGGCCTT TTTCCCATGC ATTTCCAAGC CTTCCACCCA1260
GCTGTGGCCC CACCACAAGG GCCTGGGCCC CCAGAGCTGG GCCGTGACAC TGGCCGCTTT1320

5 GATCGCCAGG CAGCCAGCGA GGCCTGCTTC TACAACTCCG ACTACGTGGC AGCCCGTGGG1380
CGCCTGGCGG CAGCCTCAGA ACAAGAAGAG GAGCTGCTGG AGAGCCTGGA TGTGTACGAG1440
CTGTTCTCTC ACTTCTCCAG TCTGCATGTG CTGCGGGCGG TGGAGCCGGC GCTGCTGCAG1500
CGCTACCGGG CCCAGACGTG CAGCGCGAGG CTCAGTGAGG ACCTGTACCA CCGCTGCCTC1560
10 CAGAGCGTGC TTGAGGGCCT CGGCTCCCGA ACCCAGCTGG CCATGCTACT CTTTGAACAG1620
GAGCAGGGCA ACAGCACCTG ACCCCACCCT GTCCCCGTGG GCCGTGGCAT GGCCACACCC1680
CACCCCACTT CTCCCCAAA ACCAGAGCCA CCTGCCAGCC TCGCTGGGCA GGGCTGGCCG1740
TAGCCAGACC CCAAGCTGGC CCACTGGTCC CCTCTCTGGC TCTGTGGGTC CCTGGGCTCT1800
GGACAAGCAC TGGGGGACGT GCCCCCAGAG CCACCCACTT CTCATCCCAA ACCCAGTTTC1860
15 CCTGCCCCCT GACGCTGCTG ATTCGGGCTG TGGCCTCCAC GTATTTATGC AGTACAGTCT1920
GCCTGACGCC AGCCCTGCCT CTGGGCCCTG GGGGCTGGGC TGTAAGAAG TGTGTTGGGA1980
AGGAGGGAGC TGAGGAGGGG GCATCTCCCA ACTTCTCCCT TTTGGACCCT GCCGAAGCTC2040
CCTGCCTTTA ATAACTGGC CAAGTGTGGA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA2100
AAAAA 2105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1125 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145:

CGGGCGGCCC ACCCCAGATC TCCTGCACGT TGTGGGGCCC TCGGCGCACG CGGTTAGCTG 60
GCGGTGCAGG GCCTCGGCGC GGGTCAGCAC GTCCTCCACG CTCAGCTTCA TAGTCAGCTC 120
GTTGATGTGC TTGAGGATCT CATTGGAGCC GAAGCCGGAC AGCATGAGGG TGTCCCTCTC 180
45 CATGTCCAGG ATGGCGCAGG CCACCAGCAG GTGCAGATTG GGGCCAGGGA GCCCTGTCCA 240
CAGCACCTCC CACAGCCGAA GGACATCCGG GAAGGGGAAT TCCCTCTTGA ACCAGATGAG 300
CAGCCACCGG AAACAGAAGC AGAGAGAGCC GGAGTCCTGG GAATCCAGGA AGTCGCAGAG 360
CAGGGGGTCC AGCACCTCC GGAGCAGCAG CAGTCGCCC AGTTGCCGCT TCATGGTCTC 420
CTGGCTCTCT TCAAAGCTCG AGCCGCTCGA GCCGAATTCG GCTCGAGAAA CCAGCTTGCT 480
50 CCTGGAGCTT CCCTGGACTC AACTTCCTAA AGGCATGTGA GGAAGGGGTA GATTCACAA 540
TCTAATCCGG GGGCCATCAG AGTAGAGGGA GTAGAGAATG GATGTTGGGT AGGCCATCAA 600
TAAGGTCCAT TCTGCGCAGT ATCTCAACTG CCGTTCAACA ATCGCAAGAG GAAGGTGGAG 660
CAGGTTTCTT CATCTTACAG TTGAGAAAAC AGAGACTCAG AAGGGCTTCT TAGTTCATGT 720
TTCCCTTAGC GCCTCAGTGA TTTTTCATG GTGGCTTAGG CCAAAGAAA TATCTAACCA 780

TTCAATTTAT AAATAATTAG GTCCCCAACG AATTAAATAT TATGTCCTAC CAACTTATTA 840
GCTGCTTGAA AAATATAATA CACATAAATA AAAAAATATA TTTTTCAGTT CTATTTTCAGT 900
GTTAATGAGA ACTACTTACT AAGGAGATGT ATGCACCTAT TGGGACAGTG TGCAAGTTCT 960
TCAGCTGGGA TTGAGGGTGG GCAATGCTGC CCCTCAATTT CTGCTTCCAG GTGGGTGGTT1020
5 CCATATGGTA CTTGAGTTTT TATCAGAGGG CCTGGGAAAA CCCAGTCTC ACAAAAATAT1080
TGAAATTATC AGAAGGGTTA TAGTGGCAAT CTTATGTTGA AAGGA 1125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1490 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146:

TCGGCACTGG GGGGCAGGGG TCGATCGGCT CAACTATGAA GATCACTGCT TCAGCGGGCA 60
CGCCACCATG CACGCCGAGA ACCTGTGGCC GGGGCGGCTG TCCTCCGTCC AGCAGATCCT 120
35 GCAGCTCTCT GACCTGTGGA GGCTGACCCT CCAGAAGCGT GGCTGCAAGG GGCTGGTGAA 180
GGTGGGTGCC CCAGGCATCC TGCAGGGGAT GGTGCTCAGC TTTGGGGGGC TGCAGTTCAC 240
AGAGAACCAC CTCCAGTTCC AGGCCGACCC CGACGTGCTG CACAACAGCT ATGCATTGCA 300
TGGCATCCGC TACAAGAACG ACCATATCAA CCTGGCCGTG CTGGCGGATG CCGAGGGCAA 360
GCCCTACCTA CACGTGTCCG TGGAGTCCCG TGGCCAGCCT GTCAAGATCT ATGCCTGCAA 420
40 GGCAGGCTGC CTGGACGAGC CAGTGGAGCT GACCTCGGCG CCCACGGGCC ACACCTTCTC 480
GGTCATGGTG ACACAGCCCA TCACGCCACT GCTCTACATC TCCACCGACC TCACACACCT 540
GCAGGACCTG CGGCACACGC TGCACCTCAA GGCCATCCTG GCCCATGATG AGCACATGGC 600
CCAGCAGGAC CCCGGGCTGC CCTTCCTCTT CTGGTTTCAGC GTGGCCTCCC TAATCACCTT 660
CTTCCACCTC TTCTCTTCA AGCTCATCTA CAACGAGTAC TGTGGGCCTG GAGCCAAGCC 720
45 CCTCTTCAGG AGTAAGGAAG ATCCAGTGT CTGAGTGAAC TAACAGTCCT GCTTTTCAGCC 780
ACCATTTGCA CAAGACACCC AGCACTGAAA GTCCCCTGTC CAGGAGCAAG GGATCCTTTG 840
GAAGCACCCG CCCTTTGTGC CTTGTTGGGG GAAACCGGTG ACGCAGAAGT GAGTGTGGAT 900
ACACCAGAGT TTGCATTGGA AGGAATGAGT GTCACGTGGG GAGGGAAGGG GCCAGTGGAC 960
CTTTTGTAAG CTTTCCACTC AATAAAATGA ACCTGTATGG CAAATACTTG AAATGGAAC1020
50 CACTCCTTAG ACTTTCCCCC TTTCTTCTGT CCCAGGAAAT AGATCATCTT TTGAAAAGAC1080
TCTTGTCTAG GAAAAGTTGT GTCTTTTCC TAATTTAACG TGTTCTTTCT TAATGAAGTT1140
TTAATTTATT TTTGTTGAGA TTTTGCTAGA TGGCTTTTGC ATCCCCTGTA GATGGTGAGT1200
GTTGGCGGTG ATGTCCGTCT CGGCGTTCGG AGGCCCCACG GTCCCGAGGC TGGGCGGGG1260

CCCCCAGGG TGGCTGTGCT GCTGCCTGTA GGAGGGTGCG GGTGTGTGCTG TCATCCTCGG1320
GTTTGCACGC CCTTTTTTAG GAGCCTGTGG ACATCTGTGG TTTTGTACTT TGGGGCTTCA1380
GGGGAGGTGT TTAACCTTCT AGTGATTGAT GATTGTCAGG TTTTGAAATA CCAAAGCTTT1440
TTTGTCTGT TTTTAAATAA ATATCTTTCA AACTTTCAAA AAAAAAAAAA 1490

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1692 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147:

30

TTTTTTTTTT TACTAGAAGT TATTTATGTT TAATGCTTAA AAGTCTGAAT TCACAAACAA 60
TCTACCATTA TAGAAGTACT GGTGGTCAAT ACAATGCATT AGAACTATGT ACAACGCACA 120
GTTTAGTATC AAAATCTTTC TACACTGTAG AGTTTTACGA AACTGTTAAT GACATCAAAC 180
35 ACTAAGCACT TAAGACACCA TTTTTTCTG CTACCACATT AGGAACGTCA ATGGACAGTC 240
CATTTCAACT TGCAGCATCC ATCCATTCT AGTATGAAAT TAAGTAATTT TCTACTTATA 300
CAATAAAGTA TATCTACACG GTTCTTTTGA TTTTGATCCA TCGCAGCAAC GGCACGTGTAC 360
ATCAGCCTCG AGCCGATTCTG GCTCGAGCTT GCCTGTGCCC TATGTCACTG AGGCCTCACG 420
TCTCACTGTG CTGCTGCCCTC TAGCTGCGGC TGAGCGTGAC CTGGCCCCCTG GCTTCTTGGA 480
40 GGCCTTTGCC ACTGCAGCAC TGGAGCCTGG TGATGCTGCG GCAGCCCTGA CCCTGCTGCT 540
ACTGTATGAG CCGCGCCAGG CCCAGCGCGT GGCCCATGCA GATGTCTTTC CACCTGTCAA 600
GGCCCATGTG GCAGAGCTGG AGCGGCGTTT CCCCAGTGCC CGGGTGCCAT GGCTCAGTGT 660
GCAGACAGCC GCACCCCTCAC CACTACGCCT CATGGATCTA CTCTCCAAGA AGCACCCGCT 720
GGACACACTG TTCTTGCTGG CCGGGCCAGA CACGGTGCTC ACGCCTGACT TCCTGAACCG 780
45 CTGCCGCATG CATGCCATCT CCGGCTGGCA GGCCTTCTTT CCCATGCATT TCCAAGCCTT 840
CCACCCAGCT GTGGCCCCAC CACAAGGGCC TGGGCCCCCA GAGCTGGGCC GTGACACTGG 900
CCGCTTTGAT CGCCAGGCAG CCAGCGAGGC CTGCTTCTAC AACTCCGACT ACGTGGCAGC 960
CCGTGGGCGC CTGGCGGCAG CCTCAGAACA AGAAGAGGAG CTGCTGGAGA GCCTGGATGT1020
GTACGAGCTG TTCTCCACT TCTCCAGTCT GCATGTGCTG CGGGCGGTGG AGCCGGCGCT1080
50 GCTGCAGCGC TACCGGGCCC AGACGTGCAG CGCGAGGCTC AGTGAGGACC TGTACCACCG1140
CTGCCCTCAG AGCGTGCTTG AGGGCCTCGG CTCCCGAACC CAGCTGGCCA TGCTACTCTT1200
TGAACAGGAG CAGGGCAACA GCACCTGACC CCACCCTGTC CCCGTGGGCC GTGGCATGGC1260
CACACCCAC CCCACTTCTC CCCCAAAACC AGAGCCACCT GCCAGCCTCG CTGGGCAGGG1320

CTGGCCGTAG CCAGACCCCA AGCTGGCCCA CTGGTCCCCT CTCTGGCTCT GTGGGTCCCT1380
GGGCTCTGGA CAAGCACTGG GGGACGTGCC CCCAGAGCCA CCCACTTCTC ATCCCAAACC1440
CAGTTTCCCT GCCCCCTGAC GCTGCTGATT CGGGCTGTGG CCTCCACGTA TTTATGCAGT1500
ACAGTCTGCC TGACGCCAGC CCTGCCTCTG GGCCCTGGGG GCTGGGCTGT AGAAGAGTTG1560
5 TTGGGGAAGG AGGGAGCTGA GGAGGGGGCA TCTCCCACT TCTCCCTTTT GGACCCTGCC1620
GAAGCTCCCT GCCTTTAATA AACTGGCCAA GTGTGGAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1680
AAAAAAAAAA AA 1692

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148:

35 CTACGACCCG ATTGGCTTCG GGCTCAGCTG GGAGGCGGGA CGAATTATTG GTTGGGGGAA 60
ACCCACGAGG GGACGCGGCC GAGGAGGGTC GCTGTCCACC CGGGGGCGTG GGAGTGAGGT120
ACCAGATTCA GCCCATTGCG CCCCGACGCC TCTGTTCTCG GAATCCGGGT GCTGCGGATT180
GAGGTCCCGG TTCCTAACGG ACTGCAAGAT GGAGGAAGGC GGGAACCTAG GAGGCCTGAT240
TAAGATGGTC CATCTACTGG TCTTGTCAGG TGCCTGGGGC ATGCAAATGT GGGTGACCTT300
40 CGTCTCAGGC TTCCTGCTTT TCCGAAGCCT TCCCCGACAT ACCTTCGGAC TAGTGCAGAG360
CAAACCTCTT CCCTTCTACT TCCACATCTC CATGGGCTGT GCCTTCATCA ACCTCTGCAT420
CTTGGCTTCA CAGCATGCTT GGGCTCAGCT CACATTCTGG GAGGCCAGCC AGCTTTACCT480
GCTGTTCTTG AGCCTTACGC TGGCCACTGT CAACGCCCCG TGGCTGGAAC CCCGCACCAC540
AGCTGCCATG TGGGCCCTGC AAACCGTGGA GAAGGAGCGA GGCCTGGGTG GGGAGGTACC600
45 AGGCAGCCAC CAGGGTCCCG ATCCCTACCG CCAGCTGCGA GAGAAGGACC CCAAGTACAG660
TGCTCTCCGC CAGAATTTCT TCCGCTACCA TGGGCTGTCC TCTCTTTGCA ATCTGGGCTG720
CGTCCTGAGC AATGGGCTCT GTCTCGCTGG CTTTGCCCTG GAAATAAGGA GCCTCTAGCA780
TGGGCCCTGC ATGCTAATAA ATGCTTCTTC AGAAAAAAA AAAAAAAA AAGGGGAGAA840
AGAAAAAGGA AAAGGCGAGA GGAGCG 866

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 992 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149:

```
ATTTCTACTT CTCTCCAAGC GTCCAATTTA TAATAACATG TGCATCTTGT TTTCCCTGCC 60
AAACTAAATT TCGTGAGGGG GTACATACTG CACAGTTTTT TTTGTCACAT ACTGCTTATG120
ACACATGAAT ATGCAGAGCT TGTCAAGCTC TTTAATTAAG TTTAAAATGC TAATTGAGTG180
AATCAAAACT TAACCATTAT GGTTAGGCTA AAAATGTCAG CTTGTGTTTA TATAGTGCTT240
ACCTCAGTAT TGGAAATGCC ATGAGTTTAG TATCAGAAGG ACATTATTAC TAGTGCACTT300
TAAAGTGATA CCAGTCATAG TTGCAAAAGA AAGTACACAA TGGGAAATGG AAGAGAAATG360
TAGGGAATCA AAACAAC TAGTTTTTCCTT TATAACGGAA GTTTTATAAT TCATCTTTTA420
TGTAAGTGTA ATTCTCATT AAAATACCCT AAAGCTTAAA GTTTGCAAGG CTGCCCAGCC480
TAACCCACAA CAGTTTGATG CTGCCCCCTA GCGTTTGATT CCCTTCACCT TTTGCTAAAA540
TAAGGTAATG TTAAATTAC AATTAGATTT ACTTACTGCT GTAAATCTGG TCTATTTTAG600
TTTCCTCTGG GTAGTTAGTG TTGCTAATAA GATGGACGTA AGTGTTTTTG AACTGGTGAA660
TTCTGATTGC TTTTAGCCCC CAGTTTCCA AATAGGGGTG AATTCTGGGT AGAGATAGAA720
CAATCACCAA GTTACCTTGC TCCAAAAAAG AAATTTACGT ATGGGATTGT TTTCAAAGCG780
GGAAGTTAGC TGTGTAAATA ACAACAATTT TATATATTTA ATCTGGGCTT CTCCTTATCT840
TGAATGATAT AAAAATCTAC TTTCTAGATT AATTTAGTTC CATATAACTT TGTATTGCTT900
TGAATGATAT AAAAATCTAC TTTCTAGATT AATTTAGTTC CATATAACTT TGTATTGCTT900
TGACTGTACT GATAATAAAG TTTGAAAGTG TTAAATTTAA AAAAGAAAAA AAGAGGCAAA960
AGGAAAGACA AGAAAGGGAC CCGGGAGGGA TC 992
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1640 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150:

```

20  GGTCCGGGGC GGAAAGTGGG TCAGGGCCGG GCCGGCGGAC GCGCAGGGGG GGCTGCAGAT 60
    TCTTTCCACC ATGGCCAGAC GCCCCCGGAA CAGCAGGGCC TGGCACTTCG TCCTGAGTGC 120
    AGCCCGCCGA GACGCAGATG CCCGGGCCGT GGCTCTAGCA GGCTCCACTA ACTGGGGCTA 180
    CGACTCTGAT GGGCAGCACA GCGACTCGGA CTCCGACCCC GAGTACTCCA CGCTGCCGCC 240
    ATCCATCCCC AGTGCGGTGC CCGTGACCGG CGAGTCCTTC TGTGACTGTG CTGGGCAGAG 300
    CGAGGCCTCC TTCTGTAGCA GCCTGCACTC GGCCCACCGG GGCAGGGACT GCCGCTGCGG 360
25  AGAGGAAGAC GAGTGTGAGC GTGGGGCCCA GCCCCTGCTG GGA CTGCACT GCGGGCGGGC 420
    CTGGGGGTGG GCAGGGCAGA GCCCCATGGA GCTCTAGGG CTGCCCCAGC CTGGGCCTCT 480
    CTTGCAGATT TCGACTGGGT CTGGGATGAC TTAAATAAGT CATCAGCCAC CCTGCTGAGC 540
    TGTGACAACC GTAAGGTCAG CTTCCACATG GAGTACAGCT GCGGCACAGC GGCCATCCGG 600
    GGCACCAAGG AGCTGGGGGA GGGCCAGCAC TTCTGGGAGA TCAAGATGAC CTCTCCCGTC 660
30  TACGGCACCG ACATGATGGT GGGCATCGGG ACGTCGGATG TGGACCTGGA CAAATACCGC 720
    CACACGTTCT GCAGCCTGCT GGGCAGGGAT GAGGACAGCT GGGGCCTCTC CTACACGGGC 780
    CTCCTCCACC ACAAGGGCGA CAAGACCAGC TTCTCGTCGC GGTTCCGCCA GGGCTCCATC 840
    ATTGGCGTGC ACCTGGACAC CTGGCACGGC AACTCACCT TTTTCAAGAA CAGGAAGTGT 900
    ATAGGTGTGG CAGCCACCAA GCTGCAGAAC AAGAGATTCT ACCCGATGGT GTGCTCCACG 960
35  GCGGCCCCGA GCAGCATGAA GGTCAACCGC TCCTGTGCCA GCGCCACTTC CCTCCAGTAC1020
    CTGTGCTGCC ACCGCCTGCG CCA GTGCGGC CAGACTCGGG AGACACGCTG GAGGGTCTGC1080
    CGCTGCCGCC GGGCCTCAAG CAGGTGCTAC ACAACAAGCT GGGCTGGGTC CTGAGCATGA1140
    GTTGACAGCCG CCGCAAGGTC CAGTGTCCGA TCCCCAGGCA GCGACCTCCG CCCACCCAG1200
    CAGTCGCGAG CCTCGGCCCT GCCAGAGGAA GCGCTGCCGC CGGACCTGAC TGACTTCCCA1260
40  GTGGAAGTGC CTTCTTGGGC TGGGACAGCC CTTTCTCTG TCCCTTCTTT CTCTGTCCCT1320
    TCCTTCCAGC CACTCTCCAG GCGGAGTTG GATGAGGCCC GTCCGGAGGG AGCCATCTCT1380
    TGCTCCCGAG GCTGGGACAG TCCTTTCTGT GGGGGCTCTA GGGCCCTCT GCTGCTGTGC1440
    TGGGTGGGGA AGCGGCTGCC CTGAGCCCCA GGTCTTGTGG GAGGCTGCGA GGACGAGAGC1500
    CTGGCTGGAG CCCGCGTTGC TGTTCACACA GGCCTCGGT TTTTCTAAC TTGCTCTGCA1560
45  TGCTGTACAG GGTGCCCGG CCGTCATAGA CTAAAGGAC TGCAATAAAT GTAGAGTTGA1620
    TGTCTAACAC CCAAAAAAAAAA 1640
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:974 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151:

20

```
GCACGCTATG CTAGCCACAC TTCCGGCAAG AGCAGCTAGA ATCGTTCCGG TGCATATTGA 60
ATAGGCGCAG AAAGGGAGAA AAAGATTCTA CAGCCCTGGC CACAGTACTT TGGTGACACT120
TTTCGTGGGG CTCTCTGGAG GACTTTTCCC AAGGCAGATG GAGAAAACCTT CGTGAAACCC180
ACTCCTTGCT ATTAAAGGAA ATGTTGTGGA ATATAATTGG ACTTAGGTTT TGCAGAGCTT240
25 GAGCATGGCC TTTTGTCTCT CCCACCTTCT GGTTCCTGAA GACATTGCCG GTGACCTGGC300
CCCAGACTAA CACAAGGCGG GCGTATACCG TCAGCCTGCC TGGCGTCCCC TTGCCTCAGC360
ACACACAGAG ACCTCTTGCA AGATGCTTCT CTGCCGCCAT AGGCTGGAGG TTCCCCGGGA420
ACTTTTCCCT TCCTTCCTAG CTGAGGAAGA TCCCTCACTT CCGCTCGCCG CGCCACCGGT480
CCACCTCCC CGCCCCCGC TGGGTCCTAG CGCCGGCCCC TGTTCGGCAG GGTCCGGGCT540
30 CCGTCGGTGC GAGGAGCCGA CGCCGACGCC ACGGAGTCAG CACAAGTCTC ATCAGAGAAA600
CCCCGTTTAC CAAGGCCATG GAAGTGAGG CTGCAGAGGC CCGGTCCCCA GCCCCGGCT660
ACAAGCGCTC GGGCCGCCGC TACAAGTGCC TGTCTGTAC CAAGACATT CCAAACGCGC720
CCAGGGGAGC GCGCCACGCT GCCACACATG GGCCGGCAGA CTGCTCTGAA GAGGTGGCCG780
AGGTGAAGCC AAAGCCAGAG ACAGAAGCTA AGGCAGAGGA AGCCAGTGGG GAGAAGGTGT840
35 CAGCGTCCGG CGCCAAGCCT AGGCCCTATC GGTGTCCGCT ATGCCCCAAG GCCTACAAGA900
CGGCACCCGA CGTGCGCAGC CACCGGCGCA GCCACACGGG GGAGAAGCCC TTTCCGTGCC960
CCGAGTGCGG CCGC 974
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

40

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1059 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152:

GTGGGATGAC CGCGTGTATA GGA CTCTCAG GCTTTTATCC TAGATCACCA CTGGATTGCT 60
GACAGATAGA GGACGTGGGA CCGTGACTAT CACCCCTAAT CTGCAGTGGA TTTGGCTCTC 120
GGCACTCCCA GGCTGGGAGC TGGATACCTG CCCTGGCAGC ATGACTCAGA CTGCATCACA 180
15 GTCACAGACT CGCCTCTGCT CCTGTGGTCC AGTGGCCGGA CACCCCTGG GATGGCTCAA 240
AGGAGTCAGG ACTTGGAA GT GGGGACATCA GGGTAGCTGA AGGAAATCCA CACACCCAGA 300
GCATCTCGGA GTTCAGACTC TCAGACCTGA AGTAGGCGCC CCCGGGACTG GGCTAGGAGT 360
TGGACGGAAT GGAGGATGGA GGACAGCGAG AAGAAAGGAA GAGAAATGCA AAGTGTGGGC 420
AGCCGCCAAG AGTGAAAATA GAGGGAAGTG TCATGCAAGT GCTGGACAGA AGGCGGCAGG 480
20 TGGGACGAGC CCCACAGCCC CCTCCTCAAA AACGACCACC TCCAGGACTC AGTGATCCCT 540
GGGGGGCAGG CTCTGCCAGC CCTCGGCCAC ACGTGGCTCC GGCACCCATG GTCCCAGTGC 600
CTTGGATGGA GACGGCCAGT TCTGGCGGCC AGATGTGGTG CTCTGGAATC CAGTCCCAT 660
TCCTTCCTGG CCACGCCTGT CCAGCGGCTT CTTAGCCGC ATTAGCCCC TACTTACCTG 720
GGGACCCCGG CTGGGGCACG AGAGTACCAG GGGGGTAGGG CCCAAAGGGA TCAGGGGAAG 780
25 CCTCTGGCCT GGAGGGTATG GGGCACGCTT CCCCAGGGC GGACCCGGCA GGAGGAAGCC 840
CAGGAGCTGG GTCCTGCCGC CCAGGAGCTG GGCCCTGCCA CCCAGGCCGG GCTAGGGACA 900
TGGCAGGGCC TGGGCATCCT GACGCTGGAC TTGGGCGACC TGGGAGGCAC AGGGAGGGGA 960
GAGATGGGCG GGCCCGCCCC AGCGCAGTGC CGGCCACACC CATGCACCGA AGCTCCTCCC 1020
TGCCACGCCC CAAGGCGGTT GCCGGAGCTT ACCGGGGGT 1059

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2003 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153:

5 GAGAGATCTG AAATAACCTT TCCCAGTGGG CAGGGTTGCC AGGGTTGAGG GGACAGCACA 60
TACCACCCCC ACCCAACCTG TTCGAGGGGC CCTGCATGGC ACGGGATGAG TCCCTGCCCT 120
GTGCAGCTGC CTGGCAGTGG CTGGGACAAG GATCTTGACG CCAGCACAGA GGCCTCTTCA 180
AAGGCCTCTC CCTCTTGGCA CTCCAGGCAA GGCAGGTGCC CGCTTCCCCA ACACCTCCAG 240
GCAGTGACCC TAGGGCATGC CCCAGCAGGT CTCCGAGCAG CCACTGGGAC CCGTCTCAGC 300
ACATCCTGGC CTTTGAAAGT CTGATATCCT GAGAGGAGGG CAGGTTTTAG GGCCGCAGTT 360
10 CCAGCCAGCG TCCCCAGCCT GGCTTCCCTG CCATGGACTC AGTAGCTCGT GGGGCTTCTT 420
ACCACCCACC AGCCCCGCTG GGGTGC GGCC TGGCTGTGGG CAAAGGAGGA CTTGCCTGGA 480
GATTTGAGAG AAGATTCCTT CTACCAGGGC TGCTGAGGGG CCAGGCCTGC ATCAGGGGCT 540
AGGCTCTGGC TGGGCCCCGA GGCTGAGACT AAGGCTTTCG ACCCTGGTGC CTCCATGTGG 600
ATGCTGCCTC AGACAAAGGC AGTGAGCCTT CCCTGCCAAA GTGCCCATCC CATGGGCTCG 660
15 GCCTCACTGG TCACTGTTAG CCCATGAACA CGTGTGGGCC TCGGTCACGT GGCTTTGAGG 720
GCAGTCTGAC CAGGCTAGAC CACACGTGCC GTGACAGGGG GTGCCATTCC CCTCGCAGGC 780
TCTAATGTGC CCACATGTAG CCTGGCAGTC CAAAGACCAA GAATCAACTT GCAAATCTGC 840
CATTAAACTG CTGTGCGACT TCAGGCATAT CACTGCCTTC TCTGGGCTTC AGTGTCTTTT 900
TCATACCTAG AAGTCTGCGG TCTGAGGCTC TTTGGGTTCA GACACACTGT TCTAGGCTTC 960
20 TGTAGGGGAC CTTGTGATCT GCCGTGCCCC TCCTCCCTGT TCTTTTCTGT CCTCCCCACC1020
CCACCCTCAG AAGCTGCTTG CTCTGCCCCC AGGACAGGAG CTTGACGGAT GAAGTGCAGC1080
CAGCCACCCA GGTGCCATTT CCAGTCTGAC TTCCAGAAAT GTGCACCATG TCCTAGAGCA1140
CAGACCCATT GGCTGGAGCC TCCTGGGAGG GTTCAAACCA TCAGCTCTAT GAGAAATGCC1200
CAGAAAGGCT TTGCCGACTC CATCCGTCTG TGGAGGCTGC CTGCCTCCGG GGTGGGATGG1260
25 GTGGTTTCTC CTCCAATTCA GACCCAAGAG GTAGCCCCCG AGGGCATGTA CCTGGTGGGA1320
AGCAGCTCAG GTACCCCTTG GGGTTGCAGG GCCCTTACGC AGGTATTTCT CTCTCTCTCC1380
TCTCTGGGGT GCGTGTGTGC GTGCGCGTGT GCGTGCCTAT GCTTTTCTCT GTGGGCACAT1440
CAGGATGCCC CTCGGAGAGC ATGTGCACGT GTCCCCACCT GAGCGAGCGT GTGTGTGTGC1500
TCCTCTGCGT CCCAGGTTTG GACGTCTAGG GTTTGGTGTG CCTGTCTTCT GCCCTCCCTG1560
30 AGCCACAGG GTCAGTCAAT GTATCTTCTA CGTGCCTCTC CCTCTGCCTT CTCTCACAGT1620
GCCCCCGGCT CCAGAGCTCA GGGGTAGGGG TTCTCCTGAG GGTGCAGGGG ATCCTTCTCA1680
TCTCCTGGAC CCTCCAGGGC ACTCTGGTCC CTATTCGCCA GCTCCTAGGC AGCTGAGCCG1740
GGTCCCTTAG GGGAGGTGAC CAGGAGCTTT GGTGCAGGGA GCTCTTGGTG GGGCAAAGGG1800
CTGGACCCCT GCCAGGTCTG TGGACATGGT TATATGCCCG GGAGAGGGGG GTGCAGGGCC1860
35 CCAGGGATGG CCCCCAATCC CACCTCTGTT TATTCTGTAA ACTGCAACCT ATAAATAACC1920
TTTAGCATTC CTATTGTAAC AAAATTAATT TTTATGAAAT AAATTATATT TCCTAGTCTA1980
ATAAAAAAAA AAAAAAAA AAA 2003

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1130 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154:

```
10 TATTTTTTTTT TTTACTGATA TATTGTAGTT TAATAAAACA TAGTTTATAC AGTTCATTGA 60
   AAAAGTATTT TAATACAAAC ACCACTTATA CACAAAACCA AATGTTGATA TTCTTGTTTT 120
   TAAAAATTCT TGATTTCTCT AAAACACTAA GATGCTATCT CAATAGAGAT TGCTTCACAT 180
   TTTCCAGTTT CTTGATCTGT GCATGTCACA TGTAAGATC CATCCCTTTT CATAGTAAGA 240
   ACAGCTAATA TATCACGTAA TCCATTTTCT TTTTATCTA AATCCTGGAG TACAACCTGT 300
15 GCAAACCTGG TTTCCCTCTTT GGCAGAGTTC TTCCCATCAG ACTCATAGAG TTCAAGGCAC 360
   ACTGAAGATA TGCTTCCAGG GGCTTGCAAT GTGTGTTGTC TTCGAGCTGG CAAAGGAGTC 420
   CCTGATGGAA ACAGCACTGT GAATCTACTG GCTCCTGATT CGTCCACACC CTTAACTAAA 480
   ATATCTCTGG CTGAACACTC TATCATAAGA GAGTCTTCCA CCAACAGGTT TTCTTTCCCA 540
   ATAAGAATTC CTGCTTCTAT AGCTGCACCA ATAGGGATCA CTTTCATCAGG AGGGATAGAA 600
20 TTGAGAAGCT CAACAGCTGG GAAAAGATCT TTAATCAGTT GCTGTAGCTT TGGGATTCTGA 660
   GAAGACCTC CACAAAGGAC AACCTTGTTG ATATCATCTG CTGTAAATCC ATTTTGATCT 720
   AAGAGTCCTC TGATTGCTTC TATACACTTA TAAAAAGTG GAGAACAAAG AAGTTCAAAT 780
   CTTGCTCTGG ACACATTGCA ATCAAAATCT TGACCTTCAT ATAATGAGTC AAGAAAACAG 840
   TTGGCACTTC CCAAGGTTGA CAAAGAATGT TTCGCTACTT CAGCACTGTT CGTTAATTTT 900
25 ATCATGGCTC GCGCATTTCC TCTCACATCA TGTTTGAAGG ATCTTTGGAA CTCAGAAGCT 960
   AGATACTGTG CTAAGGTTTC TGTGAAATGT GCACCACCGA TGTATCATC AGTGTTTGTT 1020
   GAAAGAACCC GATATATTCC ACTGTTAACT TCCATGACGC TGAGAGATAA GGATGTTTCT 1080
   CCAAGCTTAA ACACCAAAT ATTGCTTTTT CCAGTAGGGG AGTCTTGTCC 1130
```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 5779 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155:

	TTGCGGGAAA	GAGCCAAACC	CTGGCGTTGG	GGGGCCCCGG	CGGGGAGCCC	CTCCCCGGGT	60
	CCACAGCGAC	GCCTGCCCAG	CCCTCCTCCC	CTTCCGGCTC	CGGCACGGGG	CCCCGAGGCG	120
5	TTCGAGGCC	AGGCGGGTTT	CTGTCAGGCC	CGGGGAGGAG	GGGCGGGCGG	GGCGGCCGCT	180
	GCCTCCCCGG	GACGGGCCGT	ACCACGCGGA	CGGGGAGGAC	GGGGCCAGGG	GACTGCAGGG	240
	CGGCTGCACC	GCCCAGGGGG	GGGGTGCGGA	CGGGCCGGCG	GGCTCCCCCG	GGCGGGGCGG	300
	GAGGGCGGGG	CGTGGGGCGG	ACGGAACCAC	CGGGGCGGGG	TGGGAGGTAA	CGGGACGGGC	360
	GCGACCATGG	CGCGGTGAGG	GAGCGGGGGT	GGGGATCGGT	CCGGGGGAGG	CCTGAGGCCG	420
10	CTGGCTTGTG	CGCTGTCTCC	GCCGCCCCCC	TCTTTCGCCC	CCGCCGCCGC	CGCCCCGGGC	480
	ATGTCGTCCA	ACTGCACCAG	CACCACGGCG	GTGGCGGTGG	CGCCGCTCAG	CGCCAGCAAG	540
	ACCAAGACCA	AGAAGAAGCA	TTTCGTGTGC	CAGAAAGTGA	AGCTATTCCG	GGCCAGCGAG	600
	CCGATCCTCA	GCGTCCTGAT	GTGGGGGGTG	AACCACACGA	TCAATGAGCT	GAGCAATGTT	660
	CCTGTTCCCTG	TCATGCTAAT	GCCAGATGAC	TTCAAAGCCT	ACAGCAAGAT	CAAGGTGGAC	720
15	AATCATCTCT	TCAATAAGGA	GAACCTGCCC	AGCCGCTTTA	AGTTTAAGGA	GTATTGCCCC	780
	ATGGTGTTCG	GAAACCTTCG	GGAGAGGTTT	GGAAATTGATG	ATCAGGATTA	CCAGAATTCA	840
	GTGACGCGCA	GCGCCCCCAT	CAACAGTGAC	AGCCAGGGTC	GGTGTGGCAC	GCGTTTCCTC	900
	ACCACCTACG	ACCGGCGCCT	TGTCATCAAG	ACTGTGTCCA	GCGAGGACGT	GGCGGAGATG	960
	CACAACATCT	TAAAGAAATA	CCACCAGTTT	ATAGTGGAGT	GTCATGGCAA	CACGCTTTTG	1020
20	CCACAGTTCC	TGGGCATGTA	CCGCCTGACC	GTGGATGGTG	TGGAAACCTA	CATGGTGGTT	1080
	ACCAGGAACG	TGTTTCAGCCA	TCGGCTCACT	GTGCATCGCA	AGTATGACCT	CAAGGGTTCT	1140
	ACGGTTGCCA	GAGAAGCGAG	CGACAAGGAG	AAGGCCAAGG	ACTTGCCAAC	ATTCAAAGAC	1200
	AATGACTTCC	TCAATGAAGG	GCAGAAGCTG	CATGTGGGAG	AGGAGAGTAA	AAAGAACTTC	1260
	CTGGAGAAAC	TGAAGCGGGA	CGTTGAGTTC	TTGGCACAGC	TGAAGATCAT	GGACTACAGC	1320
25	CTGCTGGTGG	GCATCCACGA	CGTGGACCGG	GCAGAGCAGG	AGGAGATGGA	GGTGGAGGAG	1380
	CGGGCAGAGG	ACGAGGAGTG	TGAGAATGAT	GGGGTGGGTG	GCAACCTACT	CTGCTCCTAT	1440
	GGCACACCTC	CGGACAGCCC	TGGCAACCTC	CTCAGCTTTC	CTCGGTTCTT	TGGTCCTGGG	1500
	GAATTCGACC	CCTCTGTTGA	CGTCTATGCC	ATGAAAAGCC	ATGAAAGTTC	CCCCAAGAAG	1560
	GAGGTGTATT	TCATGGCCAT	CATTGATATC	CTCACGCCAT	ACGATACAAA	GAAGAAAGCT	1620
30	GCACATGCTG	CCAAAACGGT	GAAACACGGG	GCAGGGGCCG	AGATCTCGAC	TGTGAACCCT	1680
	GAGCAGTACT	CCAAACGCTT	CAACGAGTTT	ATGTCCAACA	TCCTGACGTA	GTTCTCTTCT	1740
	ACCTTCAGCC	GAGACCGAGA	GACTGGATAT	GGGGTCGGGG	ATCGGGACTT	AGGGAGAAGG	1800
	GTGTATTTGG	GCTAGATGGG	AGGGTGGGAG	CGAGATCGGG	TTTGGGAGGG	CTTTAGCAAT	1860
	GAGACTTGCA	GCCTGTGACA	CCGAAAGAGA	CTTTAGCTGA	AGAGGAGGGG	GATGTGCTGT	1920
35	GTGTGCACCA	GCTCACAGGA	TGTAACCCCA	CCTTCTGCTT	ACCCTTGATT	TTTTCTCCCC	1980
	ATTTGACACC	CAGGTTAAAA	AGGGGTTCCC	TTTTTGGTAC	CTTGTAACCT	TTTTAAGATA	2040
	CTTGGGGCTA	GAGATGACTT	CGTGGGTTTT	TTTTGGGTTTT	GTTTCTGAAA	TTTCATTGCT	2100
	CCAGGTTTGC	TATTTATAAT	CATATTTTCT	CAGCCTACCC	ACCCTCCCCA	TCTTTGCTGA	2160
	GCTCTCAGTT	CCCTTCAATT	AAAGAGATAC	CCAGTAGACC	CAGCACAAGG	GTCTTCCAG	2220
40	AACCAAGTGC	TATGGATGCC	AGATTGGAGA	GGTCAGACAC	CTCGCCCTGC	TGCATTTGCT	2280
	CTTGTCTGGA	TTAACTTTGT	AATTTATGGA	GTATTGTGCA	CAACTTCCTC	CACCTTTCCC	2340
	TTGGATTCAA	GTGAAAACCT	TTGCATTATT	CCTCCATCCT	GTCTGGAATA	CACCAGGTCA	2400
	ACACCAGAGA	TCTCAGATCA	GAATCAGAGA	TCTCAGAGGG	GAATAAGTTC	ATCCTCATGG	2460
	GATGGTGAGG	GGCAGGAAAG	CGGCTGGGCT	CTTGGACACC	CTGGTTCTCA	GAGAACCCTG	2520
45	TGATGATCAC	CCAAGCCCCA	GGCTGTCTTA	GCCCCGAGG	TTCAGAAGTC	CTCTCTGTAA	2580
	AGCCTGCCTC	CCACTAGGTC	AAGAGGAAC	AGAGTACCTT	TGGATTTATC	AGGACCCCTA	2640
	TGTTTAAATG	GTTATTTCCC	TTTGGGAAAA	CTTCAGAAAC	TGATGTATCA	AATGAGGCCC	2700
	TGTGCCCTCG	ATCTATTTCC	TTCTTCCTTC	TGACCTCCTC	CCAGGCACTC	TTACTTCTAG	2760
	CCGAACCTTT	AGCTCTGGGC	AGATCTCCAA	GCGCCTGGAG	TGCTTTTTAG	CAGAGACACC	2820
50	TCGTTAAGCT	CCGGGATGAC	CTTGTAGGAG	ATCTGTCTCC	CCTGTGCCTG	GAGAGTTACA	2880
	GCCAGAAAGG	TGCCCCCATC	TTAGAGTGTG	GTGTCCAAAC	GTGAGGTGGC	TTCTAGTTA	2940
	CATGAGGATG	TGATCCAGGA	AATCCAGTTT	GGAGGCTTGA	TGTGGGTTTT	GACCTGGCCT	3000
	CAGCCTTGGG	GCTGTGTTTT	CCTTGTGTGC	CCGCTCTAGA	CTTTTAGCAG	ATCTGCAGCC	3060
	CACAGGGTCT	TTTTTGGGAG	GAGTGGCTTC	CTCCAGGTGT	TCCACCTGCT	TCGGAGCCTG	3120
55	CCACCCAGGC	CCTCAGAACT	GAGCCACAGG	CTGCTCTGGC	CAGGAGAGAA	ACAGCTCTGT	3180
	TGTTCTGCAT	TGGGGGAGGT	ACATTCTGTC	ATCTTCTCAC	CCCCTCAACC	AGGAACTGGG	3240
	GATTTGGGAT	GAGATATGGT	CAGACTTGTA	GATAACCCCA	AAGATGTGAA	GATCGCTTGT	3300
	GAAACCATTT	TGAATGAATA	GATTGGTTTT	CTGTGGCTCC	CTCCAAACCT	GGCCAAGCCC	3360

AGCTTCCGAA GCAGGAACCA GCACTGTCTC TGTGCCTGAC TCACAGCATA TAGGTCAGGA3420
AAGAATGGAG ACGGCATTCT TGGACTTCAC TGGGGCTGCT GGATTGGATG GGAAACCTTC3480
TGGAAGAGGC AGATGGGGGT CAAACCACTG CCCTTGCCCC AGGAAGGGGC CATAGGTAGG3540
TCTGAACAAC TGCCGCAAGA CCACTACATG ACTTAGGGAA CTTGAAACCA ACTGGCTCAT3600
5 GGAGAAAACA AATTTGACTT GGGAAAGGGA TTATGTAGGA ATAATGTTTG GACTTGATTT3660
CCCCACGTCA TAATGAAGAA TGGAAAGTTG GATCTGCTCC TCGTCAGGCG CAGCATCTCT3720
GAAGCTTGGA AAGCTGTCTT CCAGCAGCCT CCGTGGCCTC GGGTTCCTAC CGGCTTCTCT3780
GCATTTGGTC TGCTGATCAT GTTGCCATAA TGTGTATGGA AAGTGTAACA CATTCTTACT3840
GGTTAAAGAC GACTACCAGG TATCTAACTT GTTTAACATT GAGATTGTGT GTGTGTGTGT3900
10 ATGTTTGTGT GTTTTGTATA TTGTTTACAT TTTGAGAGGT AGCATTCTGT TTCAAATGCT3960
TTTTGTTTTT CTGACCAGTA TTGTTGACTG GGTCATAACA TTTTGAGCTG TGGTTTGGTG4020
GATTTTCAAT TTTTTTTTTT AAAGGTCATT CGCTGTGCTA TCTTCAAAAC CTTGAGTTTG4080
GCCCCCAATT TTTGGCATTC AAATGTTTAA AAGCTATTTA TCTTGTTTTA TACAAGTTTC4140
CTTCTCTTTC TTTTGTTCAT GGTATTCTAT TTGGTCTGCA GTTTGAATGT AGAGAAAGTG4200
15 GACTGATCCC CCAAGCGTTG TCTGCCCCCA CTCTTCCCTC CTTGGGTCCC GCCATTCTTT4260
TACTGGGCAG TCGAGGGCAT TGGAGGGGAA GTGACTGCCC TCAGCCTCAC TCCCTGGGGC4320
CATGAAGAAA AGCTAAACAG TCTCATGGCA TCTCAGAATA ATGTTGGGTC TCCCAAGAAG4380
AAAGGTGTAA GAATAACGAC ATGGCTGATT AGGCGAGGCC AGGATAGGGC TAAGGCCAGG4440
ATTCCTGGCT GGCATCCAGT CACCCCTTCT CCCATCCTTC CCCCTCTTCT TCCACAAGTC4500
20 CGCAGCCGAG ACACTGTAGT CTCCCAGCCA CAGTGATGAG TGCCCTGGAG ACTCCACTGA4560
CCTCTAGATG AAGGCCCTG GCCCTGGTTC CTGTTAATTA ACCTCTGGGT CTTTGAGTCC4620
CCCAGCACAA ACTTCTTTTC TGTACCCTGC GGCTTGGGGT CACAGGGCAT GCCGGGAAGC4680
CACAGCTGAG GGGCGCAGAC TGAAGCAGTG CTCCACCTCT CCTTCTTTAG CTCAGGGGTT4740
GCTGGTCTGT GGCAGGCGCC ACGAGTGGCC CCTGTGGCTG TTCTCAGTGG CAGTCTCTTA4800
25 AGTTCCACGC ACAGGCAGCT CTTTATCCCC TCTCCCTACT TGACTCTTTC TCTTGCTGT4860
GCTTTTGGCC TCAAACAGGC CTGCTGGTAG CGCTCAGGGC GTGAGGCTAC ACTCCTGCCC4920
TGCCTTTCCT GTCTTCATGG TCTGCCAGGG CATACTTGG GGAGGTGGAC CAAAGACCCA4980
GGACTTTTTG CAGTAGCCAG TCCTACCCCC CAGTTGTCTT TTTACCAATT CAGGGTGGGA5040
GAGAAAAC TG CAGCACCCCA GCATGTGAGT TACTCAGGTG TTGGGGGCTA GAAGGGACAG5100
30 TGCCTTTAAA CAACACTCAG AGCTCTGGCC TTAAACCTGT GGCCCCCAA GTCTAGGAGC5160
CTCATCTCTT CCTGGCAGTC ATGCGGGCAG GAGGTCTCTA AAGGGAAAAC CCATTCAGAC5220
AACTGTTCCC CAATCTACCA GCCATCTGCA GGGGTCTAGT ACCGTGGCCC TCTCCCTCCT5280
CTAGAATGTG CCACTTATGA AGAGTGCCCC ATGGGGAAAA GGAGACTCAG CTGTCCCTTG5340
GCAGCTTGTG CCAGTATCCC AGGGCAGAAG TTTCCACAGG AGCCTCTTGC CCTTGCGCAG5400
35 AGCCACTGTG AGAGGCGGTG GGAGCCAACA CCCTTGGGGG AGGGGGCAGT ACTGCTCGGC5460
ACATCCCAGC ATCAGGTCAG ATCACTGAAA TTAATAAATG TGAATTAAGT TCATATCCAC5520
CTTTTGGGGA AGCAGGACAA ACCACCACCC CACCAAGTGT GTGACTTCTC CATATCCAC5580
TGCAGTTTCC ATTTTTTAAA TGGGAATTTT CAATCCCCTG TGCTTGTCTA ACGTCTGCTT5640
TAAAAAGTTT GAGACCCTGT TACTGTTTGA AAATGCATGC ATGTTACGAT GAATCTCCAA5700
40 CCTGAGGAAA AAAATAAAAC TCAAAAAGCT TTGTGTAAAA AAAAAAAAAA AAAAGAATGA5760
GAGGAGAGCA GGGGGCGGG 5779

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2408 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156:

GCACGCCCTT CGGCCGCGGC CGGGCCGCCC GCTCCTTCCT TCCGCTTGCG CTGTGAGCTG 60
AGGCGGTGTA TGTGCGGCAA TAACATGTCA ACCCGCTGC CCGCCATCGT GCCCGCCGCC 120
15 CGGAAGGCCA CCGCTGCGGT GATTTTCCTG CATGGATTGG GAGATACTGG GCCTGTTAGG 180
CCTGTTACAT TAAATATGAA CGTGGCTATG CCTTCATGGT TTGATATTAT TGGGCTTTCA 240
CCAGATTCAC AGGAGGATGA ATCTGGGATT AAACAGGCAG CAGAAAATAT AAAAGCTTTG 300
ATTGATCAAG AAGTGAAGAA TGGCATTCCCT TCTAACAGAA TTATTTTGGG AGGGTTTTCT 360
CAGGGAGGAG CTTTATCTTT ATATACTGCC CTTACCACAC AGCAGAAACT GGCAGGTGTC 420
20 ACTGCACTCA GTTGCTGGCT TCCACTTCGG GCTTCCTTTC CACAGGGTCC TATCGGTGGT 480
GCTAATAGAG ATATTTCTAT TCTCCAGTGC CACGGGGATT GTGACCCTTT GGTTCCCCTG 540
ATGTTTGGTT CTCTTACGGT GGAAAACTA AAAACATTGG TGAATCCAGC CAATGTGACC 600
TTTAAACCTT ATGAAGGTAT GATGCACAGT TCGTGTCAAC AGGAAATGAT GGATGTCAAG 660
CAATTCATTG ATAACTCCT ACCTCCAATT GATTGACGTC ACTAAGAGGC CTTGTGTAGA 720
25 AGTACACCAG CATCATTGTA GTAGAGTGTA AACCTTTTCC CATGCCAGT CTTCAAATTT 780
CTAATGTTTT GCAGTGTTAA AATGTTTTGC AAATACATGC CAATAACACA GATCAAATAA 840
TATCTCCTCA TGAGAAATTT ATGATCTTTT AAGTTTCTAT ACATGTATTC TTATAAGACG 900
ACCCAGGATC TACTATATTA GAATAGATGA AGCAGGTAGC TTCTTTTTTC TCAAATGTAA 960
TTCAGCAAAA TAATACAGTA CTGCCACCAG ATTTTTTATT ACATCATTTG AAAATTAGCA1020
30 GTATGCTTAA TGAAAATTTG TTCAGGTATA AATGAGCAGT TAAGATATAA ACAATTTATG1080
CATGCTGTGA CTTAGTCTAT GGATTTATTC CAAAATTGCT TAGTCACCAT GCAGTGTCTG1140
TATTTTTATA TATGTGTTCA TATATACATA ATGATTATAA TACATAATAA GAATGAGGTG1200
GTATTTTATT ATTCTAATA ATAGGGATAA TGCTGTTTAT TGTCAAGAAA AAGTAAAATC1260
TCTCTCTTCA ATTAATGGCC CTTTTATTTT GGGACCAGGC TTTTATTTTC CCTGATATTA1320
35 TTTCTATTTA ATACTCTTTT CTCTCAAGAA AAAAAAAAAA GTTTGTTTTT TCTTTATTGT1380
CCTTCATAGC AGGCCAAGTA TTGCCTCTCT GCAATAGACA GCTACTGTCA ATACATGCTG1440
TAATTTGACA TTCTGGGTCA CAGATATAAG GTATTTAAAA TCTATTTATG CTTTATAGAG1500
AAACCAGACA TTAAACTTTC ATGCACTACT TATTTTGAAT TACTGTACCT TATCCAAATT1560
TACACCTAGC TATTAGGATC TTCAACCCAG GTAACAGGAA TAATTCTGTG GTTTCATTTT1620
40 TCTGTAAACA ACTGAAAGAA TAATTAGATC ATATTCTAGT ATGTTCTGAA ATATCTTTAA1680
GACTGATCTT AAAAACTAAC TTCTAAGATG ATTTTCATCTT CTCATAGTAT AGAGTTTACT1740
TTGTACACGT TTGAAACCAA CTACTGTAGA AGATGAGGAA TCTATTGTAA TTTTTTGCTT1800
TATTTTCATC TGCCAGTGGA CTTATTTGAA ATTTTCACTT TAGTCAAATT ATTTTTTGTA1860
TTAGTTTTTG ATGCAGACAT AAAAATAGCA ATCATTTTAA ATTGTCAAAA TTTCCAGATT1920
45 ACTGGTAAAA ATTATTTGAA AACAAACTTA TGGGTAATAA AGGCTAGTCA GAACCCTATA1980
CCATAAAGTG TAGTTACCAT ACAGATTAAT ATGTAGCAAA AATGTATGCT TGATATTTCT2040
CAACTGTGTT AATTTTCTG CTGTATTCCA GCTGACCAAA ACAATATTAA GAATGCATCT2100
TTATAAATGG GTGCTAATTG ATAATGGAAA TAATTTAGTA ATGGACTATA CAGGATGTTA2160
ATAATGAAGC CATATGTTTA TGTCTGGATT TAAAAATTTT AAACAATCAT TTACTATGTC2220
50 ATTTTTCTTT ACCTTGAAGA ACATAAACTG TTATTTCACT TCTACAAATC AGCAAGATAT2280
TATTTATGGC AAGAAATATT CCATTGAAAT ATTGTGCTGT AACATGGGAA AGTGTAATG2340
TTTTTCATGG TTTCTATCAA TGTGAAATAA AATTTAATTC TGAAAAAAAA AAAAAAAAAA2400
AAAGAGAG 2408

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157:

```
CTGGGCTTTC ACGCTGCTGT GCGAGGAACT GCGCCAGAGC CTGAGCGGAG GCTGGGGGCA 60
GCCTCGCCAG CGGGGGGCCCC GGGCCTGGCC ATGCCTCACT GAGCCAGCGC CTGCGCCTCT 120
ACCTCGCCGA CAGCTGGAAC CAGTGCGACC TAGTGGCTCT CACCTGCTTC CTCCTGGGCG 180
TGGGCTGCCG GCTGACCCCG GGTTTGTACC ACCTGGGCCG CACTGTCCTC TGCATCGACT 240
TCATGGTTTT CACGGTGCGG CTGCTTCACA TCTTCACGGT CAACAAACAG CTGGGGCCCA 300
AGATCGTCAT CGTGAGCAAG ATGATGAAGG ACGTGTCTCT CTTCTCTTTC TTCCTCGGCG 360
TGTGGCTGGT AGCCTATGGC GTGGCCACGG AGGGGCTCCT GAGGCCACGG GACAGTGAAT 420
TCCCAAGTAT CCTGCGCCGC GTCTTCTACC GTCCCTACCT GCAGATCTTC GGGCAGATTC 480
CCCAGGAGGA CATGGACGTG GCCCTCATGG AGCACAGCAA CTGCTCGTCG GAGCCCGGCT 540
TCTGGGCACA CCCTCCTGGG GCCCAGGCGG GCACCTGCGT CTCCCAGTAT GCCAACTGGC 600
TGGTGGTGCT GTCCTCGTC ATCTTCTGTC TCGTGGCCAA CATCCTGCTG GTCAACTTGC 660
TCATTGCCAT GTTCAGTTAC ACATTTCGGA AAGTACAGGG CAACAGCGAT CTCTACTGGA 720
AGGCGCAGGT TACCGCCTCA TCCGGGAATT CCACTCTCGG CCCGCGCTGG CCCCGCCCTT 780
TATCGTCATC TCCCACTTGC GCCTCCTGCT CAGGCAATTG TGCAGGCGAC CCCGGAGCCC 840
CCAGCCGTCC TCCCCGGCCC TCGAGCATTT CCGGGTTTAC CTTTCTAAGG AAGCCGAGCG 900
GAAGCTGCTA ACGTGGGAAT CGGTGCATAA GGAGAACTTT CTGCTGGCAC GCGCTAGGGA 960
CAAGCGGGAG AGCGACTCCG AGCGTCTGAA GCGCACGTCC CAGAAGGTGG ACTTGGCACT1020
GAAACAGCTG GGACACATCC GCGAGTACGA ACAGCGCCTG AAAGTGCTGG AGCGGGAGGT1080
CCAGCAGTGT AGCCGCGTCC TGGGGTGGGT GGCCGAGGCC CTGAGCCGCT CTGCCTTGCT1140
GCCCCCAGGT GGGCCGCCAC CCCCTGACCT GCCTGGGTCC AAAGACTGAG CCCTGCTGGC1200
GGACTTCAAG GAGAAGCCCC CACAGGGGAT TTTGCTCCTA GAGTAAGGCT CATCTGGGCC1260
TCGGCCCCCG CACCTGGTGG CCTTGCTCTT GAGGTGAGCC CCATGTCCAT CTGGGGCCACT1320
GTCAGGACCA CCTTTGGGAG TGTCATCCTT ACAAACCACA GCATGCCCCG CTCCTCCAG1380
AACCAGTCCC AGCCTGGGAG GATCAAGGCC TGGATCCCGG GCCGTTATCC ATCTGGAGGC1440
TGCAGGGTCC TTGGGGTAAC AGGGACCACA GACCCCTCAC CACTCACAGA TTCCTCACAC1500
TGGGGAAATA AAGCCATTTC AGAGGAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1548
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2319 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158:

AACGTCATTG GTAACAGCAA GTCCCAGACA CCAGCCCCCA GTTCCGAAGT GGTTTTGGAT 60
TCAAAGAGAC AAGTTGAGAG AGAGGAAACC AACCATGAGA TCCAGGAGGG GAAAGAAGAG 120
25 CCTCAGAGGG ACAGGCTGCC GCAGGAGCCA GGCCGGGAGC AGGTNGTGGA AGACAGACCT 180
GTAGGTGGAA GAGGCTTCGG GGGAGCCGGA GAACTGGGCC AGACCCACA GGTGCAGGCT 240
GCCCTGTCAG TGAGNCCAGG AAAATCCAGA GATGGAGGGC CCTGAGCGAG ACCAGCTTGT 300
CATCCCCGAC GGACAGGAGG AGGAGCAGGA AGCTGCCGGG GAAGGGAGAA ACCAGCAGAA 360
ACTGAGAGGA GAAGATGACT ACAACATGGA TGAAAATGAA GCAGAATCTG AGACAGACAA 420
30 GCAAGCAGCC CTGGCAGGGA ATGACAGAAA CATAGATGTT TTTAATGTTG AAGATCAGAA 480
AAGAGACACC ATAAATTTAC TTGATCAGCG TGAAAAGCGG AATCATACAC TCTGAATTGA 540
ACTGGAATCA CATATTTTAC AACAGGGCCG AAGAGATGAC TATAAAATGT TCATGAGGGA 600
CTGAATACTG AAAACTGTGA AATGTACTAA ATAAAATGTA CATCTGAANG ATGATTATTG 660
TGNAATTTT AGTATGCACT TTGTGTAGGA AAAAATGGNA ATNGGTCTTT TAAACAGCTT 720
35 TTGGGGGGT ACTTTNGGAA GTGTCTNAAT AANGGTGTCA CNAATTTTTG GNTAGTANGG 780
TATTTTCGTGA GNAAGNNTTC AACACCAAAA CTNGGAACAT AGTTCTCCTT CAAGTGTGG 840
CGACANCGGG NNGCTTCCTG ATTCTGGAAT ATAACCTTGT GTAAATTAAC AGCCACCTAT 900
AGAAGAGTCC ATCTGCTGTG AAGGAGAGAC AGAGAACTCT GGGTTCCGTC GTCCTGTCCA 960
CGTGCTGTAC CAAGTGCTGG TGCCAGCCTG TTACCTGTTT TCACTGAAAA GTCTGGCTAA1020
40 TGCTCTTG TGCTCACTTC TGATTCTGAC AATCAATCAA TCAATGGNCC TAGANGCACT1080
GACTGTTAAC ACAAACGTCA CTAGNCAAAG TAGNCAACNA GCTTTAAGTC TAAATACAAA1140
GCTGTTCTGT GTGAGAATTT TTTAAAAGGC TACTTGTATA ATAACCCTTG TCATTTTTTAA1200
TGTACAAAAC GCTATTAAGT GGCTTAGAAT TTGAACATTT GTGGNTCTTT ATTTACTTTG1260
CTTNCGTGTG TGGGCAAAGC AACATCTTCC CTAATATAT ATTACCAAGA AAANGCAAAGA1320
45 AGCAGATTAG GNTTTTGGAC NNAAAACANA ACAGGCCNNA AAAGGGGGCN TGNACCTGGA1380
GCAGAGCATG GTGNAGAGGC AAGGCATGNA GAGGGCAAGT TTGTTGTGGA CAGATCTGTG1440
CCTACTTTAT TACTGGAGTA AAANGAAAAC AAAGTTNCAT TGATGTCGNA AGGATATATA1500
CAGTGTTNAG AAATTNNAGG NACTNGTTN AGAAAAACAG GAATACNNAA TGGNTTGNNT1560
TTTATCATAN GTGNTACACA TTTAGCTTGT GGNTAAATNG ACTCACAAA CTGANTTTTTA1620
50 AAATCAAGTT AATGTGAATT TTGAAAATTA CTACTTAATC CTAATTCACA ATAACAATGG1680
CATTAAAGTT TGAATTGAGT TGGTCTTAG TATTATTTAT GGTAAATAGG CTCTTACCAC1740
TTGCNAAATA ACTGGNCCAC ATCATTAAATG ACTGACTTCC CNAGTAANGG CTCTCTAAGG1800
GGTAAGTNAG GAGGATCCAC AGGATTGAG ATGCTAAGGC CCCAGAGATC GTTTGATNCC1860
AACCCTCTTA TTTTCNAGAG GGGAAAATGG GGCCTNAGNA AGTTACANGA GCATCNTNAG1920

5 CNTGGTGCGC TGGNCACCCC NTGGCCNTCN ACACNAGACT CCCNGAGTAG CTGGGANCTA1980
CAGGCACACA GTCACGAAG CAGGCCCNTG TTTGCAATTC ACGTTGCCNA CCTNCCAACN2040
TTAAACATTN CTTCAATATGT GATGTCCTTA GTCACNTAAG GTTAAANCTT TNCCCACCCA2100
GAAAAGGCAA CTTAGATAAA ATCTTAGAGT ACTTTCATAC TCTTCTAANG TCCTCTTCCA2160
GCCTCACTTT GAGTCCTCCT TNGGGGTTGA TNNNAGGAAT TTTCTCTTGC TTTCTCAATA2220
AAGTCTCTAT TCATCTCATG TTTAATTTGT ACGCATAGAA TTGCTGAGAA ATAAAATGTT2280
CTGTTCAACT TANNNNNAAA AAAAAAANAA AAAAAAAA 2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159:

35 CGAGGACCGG CCTTGCGAGC GCGCAGCACT ATAAAATGGC GCGTGCTGCA ACCCGCGCCC 60
GCTTCGGAGA GAGAAATGCT GGGGTGCAGC TTCAAGCTTA GGACCACCCA CCATGCCTAT 120
CCAGGTGCTG AAGGGCCTGA CCATCACTCA TTAAGAACAG AGGAGGCTGC CTGTTACTCC 180
TGGTGTTGCA TCCCTCCAGA CACTCTGCTG TTTCTGCCT AGGCGTGGCT GCAGCCATGG 240
CTAGGAAAGC GCTGCCACCC ACCCACCTGG GCCAGAGCTG GTTCTGCTCC TGCTGCAGGG 300
40 AACTGAGCT GGCTATCTCG GCGCTTCGGG CAAGAAGTGC AACAGGCTCT CCTGGGTCCT 360
GCAGGTGTAC AGCCGGGCCC CTGCCTTGTC CCTCAGCTCT CGAGAGCTGC TGCTGCCGGG 420
TGACCTGATC CAACCTGATA AGGTGCCATC TTCAGCTACC ACTGCAAGGC CCTGAGGGCA 480
ACAGCAGCAC GGCAGTCCC ACCCGGCTGC TGATGGCCTG GTGCCAGCTG GGAGTCTCTC 540
CGGCACTTCG AGGCCACTGA GCCACCCTTC CAGCCCCAGC CCACCATGGA CAGGGGTATC 600
45 CAGCTTCCTC CTCAACCTCG TCCTCTGCCC CTGAGCCAGT GACGCCCCAAG GACATGCCTG 660
TTACCCAGGT CCTGTACCAG CACTAGCTGG TCAAGGGCAT GACAGTGCTG GAGGCCGTCT 720
TGGAGATCCA GGCCATCACT GGCAGCAGGC TGCTCTCCAT GGTGCCAGGG CCCGCCAGGC 780
CACCAGGCTC ATGCTGGGAC CCAACCCAGT GCACAAGGAC TTGGCTGCTG AGCCACACAC 840
CCAGGAAAGC GTGGATAAGT GGGCTACCAA GGGCTTCCTG CAGGCTAGGG GAGGAGCCAC 900
50 CCCCCTTCC CTATTGTGAC CAGGCCTATG GGGAGGAGCT GTCCATACGC CACCGTGAGA 960
CCTGGGCTG GCTCTCAAGG ACAGACACCG CCTGGCCTGG TGCTCCAGGG GTGAAGCAGG1020
CCAGAATCCT GGGGGAGCTG CTCCTGGTTT GAGCTGCATT CAGGAAGTGC GGGACATGGT1080
AGGGGAGGCA AAAAGCCTTG GGCAGTACCC TCCCTGTGGA GCTGTTCTGGT GTCCGTCGAG1140

CTAGCCACAC CCTGACACCA TGTTCAAGGG TACCGGAAGA GAAGGGTGTC TGCCCCCAAC1200
 CTCCCCTGTG GGTGTCACTG GCCAGATGTC ATGAGGGAAG CAGGCCTTGT GAGTGGACAC1260
 TGACCATGAG TCCCTGGGGG GAGTGATCCC CCAGGCATCG TGTGCCATGT TGCACTTCTG1320
 CCCAGGCAGC AGGGTGGGTG GGTACCATGG GTGCCCACCC CTCCACCACA TGGGGCCCCA1380
 5 AAGCACTGCA GGCCAAGCAG GGCAACCCCA CACCCTTGAC ATAAAAGCAT CTTGAAGCTT1440
 TTAATAAAAAA AAAAAATAA AAAATAA 1467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1348 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160:

CGTAACTGCA GGTTGTGTGA GTGCGTTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAGAA TCCCTATACC 60
 35 TCATTTGTAT TTTTAAAATG CGTGATGTTT TATGAAATTG TGTCCATTTT TTAGGTATTA 120
 GATATGGCAG AAAAACCATT TCCACTATGC AAAGTTCTTT TAGACGTCAG TGAAAATCAA 180
 CTCTCATACC TCATGGTCTC TCTTTAATTG ACCAAAACCT TCCATTTTTC TCTAAATACA 240
 AAGCGATCTG TGTTCTGAGC AACCTTTCCC CGAACACACA GCTTCAGTGC AGCACGCTGA 300
 CCTGAGTATC CACCATGTGC CAGGCACAGT GCTGGGCACA CGAGGCACCA AGTCCGGGC 360
 40 CACCTGCCCCG CAGCAAGGCC CAGCTGAGGT GGTGGAGGGA GCCCCTGAGG TCAGGGGCCG 420
 TTTCGGTTCA GGGTGGCAGG TGTCCAGCAC TGGGGTATGG CGTCGAGGCT TCCATGGGGT 480
 GGGGGAGGCC AGCTTCCTTC TGACAGGATG GGCGCATACA GTGCCTGGTG TGATTTGTGC 540
 ACAACCCGTG TTCCAGGTGC ACATCCTCCC AAGGAGACAC CCAGACCCCT CCAGCACGGG 600
 CCGGCCAAGT TGCTGCGGCG GAGGCAGCAT TTCAGCTGTG AGGAAGGTCA TTGGATTCA 660
 45 GTGTTTTATC TGTA AAAAATG GTTGCTTAA CTTCTTAACC TCATATTGGT AAGTGATTGA 720
 TAAAAATTGG TTGGTGTTTC ATGACATGTG GACTTCTTTT GAAATAGCAA GTCAAATGTA 780
 GTGACCAAAT TGTGGAAGAG ATTTCTGTCA AATAGGAAAT GTGTAAGTTC GTCTAAAAGC 840
 TGATGGTTAT GTAAGTTGCT CAGGCACTCA GATGACAGCA GATTCTGGGT TCTGGGAGTG 900
 TTCTGTGCCCT CTTACATGCC CTGGAGGCCT CATGGTCTCA GTGCTGAGGC GGCACACCTG 960
 50 TAGCACACCT GCGTAATGTG CGGTCTGGGC CAGTCACAAG GAATTGTGTT GTCTAAGCCA1020
 AAGGGGGAAG CTGACTGTGA TTTACCAAAA AAAATTCTGT AATTCAAACC AAAATGTCTG1080
 CGGAATCACC AGTTTGATAC TCTCTGTAAT CAGAACAGTG GGCAGTGCCT GGGTGAACGT1140
 GTCTAGCAGC CACTGTGCGG GATCGCTGTA ACAGGAGTGG AATGTACATA TTTATTTACT1200

TTTCTAACTG CTCCAACAGC CAAATGCCTT TTTTATGACC ATTGTATTCA GTTCATTACC1260
AAAGAAATGT TTGCACTTTG TAATGATGCC TTTCAGTTCA AATAAATGGG TCACATTTTC1320
AAATGGAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAA 1348

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1290 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161:

30

CCCAACTCCA CCCAGGGATC CTGGTGTACG GGCTGACCTG TTATGCTTTT CTGCCCTTCG 60
GCCCTTTGGG GAGCCACGGC GGGAGGTGGA GATCCACCGG CGATATGTGG CCCAGTCGGT 120
CCAGCTCTTT ATTCTCTACT TCTTCAACCT GGCCGTGCTT TCCACTTACC TGCCCCAGGA 180
TACCCTCAAA CTGCTCCCTC TGCTCACTGG TCTCTTTGCC GTCTCCCGGC TGATCTACTG 240
35 GCTGACCTTT GCCGTGGGCC GCTCCTTCCG AGGCTTCGGC TACGGCCTGA CGTTTCTGCC 300
ACTGCTGTCG ATGCTGATGT GGAACCTCTA CTACATGTTC GTGGTGGAGC CGGAGCGCAT 360
GCTCACTGCC ACCGAGAGCC GCCTGGACTA CCCGGACCAC GCCCGCTCGG CCTCCGACTA 420
CAGGCCCCGC CCCTGGGGCT GAGCCTCTCC GCCCTCGCCC TCGGAGTAGG GGGTAGCGGC 480
TTGGGTCTGA CACATCTTTG AACCTTGTGG CCAGGCCTGG ACTTCGCCCC CAGGCCTAGG 540
40 ACCGCGGTGG GTGGAACCTT GCTACTGCCC CAACAGGGAC TCCAATCAAT CGGAGTTCTC 600
CCCTTGCCGG AGCTGCCCTT CACCTTTGGG GCCCGAGACA GTCATAAGGG ATGGACTTAG 660
TTTTCTTGCA GGGAAAAGG TGGACAGCCG TGTTTCTTAA GGATGCTGAG GGCATGGGGC 720
CAGGACCAGG GGAGAGGCAC AGCTCCTTCC TGAGCAGCCT CTCACCACTG CCACAAGGCT 780
CCCTAATGCT GGTCTCTGCT CCACTCCCCG GCTTCCCGTG AGGCAGGAGG CAGAGCCACA 840
45 GCCAAGGCCC TGACCACTTC TGTGCCAGTT GTCTAAGCAG AGCGCCTCAG GGACGCTGGA 900
AATGCCTTAA GGATAGAGGC TGGGCATCAC ATCAAATGGG ACTGTGGTGT TTGGTGAAAA 960
CCTTCCTGAG GATCTGGATT CAGGACCCTC CATGACTGGC CTATTTACTG TTTACAGCTG1020
GCCAGTGCAG AGCTGCTGCT CTTTACCTT TTTAGGCCCC TGTAACCTCC CACCTTTAAA1080
CTGCCCAGAA GGCATGCCTC TCCCACAGGA AGAGGGGAGC AGACAGGGAA ATCTGCCTAC1140
50 CAAGAGGGGT GTGTGTGTCT TTGTGCCAC ACGTGGTGGC TGGGGAGTGC CTGGATGGTG1200
CGGTGGTTGA TGTTAACCTA GTGTGTGTGT GTGTGTGTGT GTGTGTGTGT GTGTGTGTGT1260
GTGTAACAAT AAATTACTAC CAGTCAAAA 1290

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2912 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162:

25

30

35

40

45

50

GTCGACCGTG	GCCGCTGGCT	GGCTGGACAG	GCGGGTGTGA	GGAGTTGCAG	ACCCAAACCC	60
ACGTGCATTT	TGGGACAATT	GCTTTTTTAA	ACGTTTTTAT	GCCAAAAATC	CTTCATTGTG	120
ATTTTCAGAA	CCACGTCAGA	TATACCAAGT	GA CTGTCTGT	GGGGTTTGAC	AACTGTGGAA	180
AGGCGAGCAG	AAAAC TCCGG	CGGTCTGAGG	CCATGGAGGT	GGTTGCTGCA	TTTGAGAGGG	240
AGTAGGGGGC	TAGATGTGGC	TCCTAGTGCA	AACCGGAAAC	CATGGCACCT	TCCAGAGCCG	300
TGGTCTCAAG	GAGTCAGAGC	AGGGCTGGCC	CTCAGTAGCT	GCAGGGAGCT	TTGATGCAAC	360
TTATTTGTAA	GAAGGATTTT	TAAATTTTTT	ATGGGTAGAA	TTGTAGTCAG	GAAAACAGAA	420
AGGGCTTGAA	ATTTAATAAG	TGCTGCTGGA	AGGGGATATT	CCAAGCCGGC	AAGAGGATTC	480
AGCAGCTGTG	GTGGGGAAAC	ATTTCTCCTG	AAAGACTGAA	CGTGTTCCTT	CATGACAGCT	540
GCTCAAAGCA	GGTTTCTGAG	ATAGCTGACC	GAGCTATGGT	AAATCTCTTT	GTCAAATTAC	600
GAAAACTTCA	GGGTGAAATC	CTATGCTTCC	ATGTACATTA	CATGGCTTAA	GATTAAACAA	660
AAACATTTTT	CAAGTCTCTA	ACTAGAGTGA	ACTCTAGAGC	ACAGTAGTTC	AGAAACTATT	720
TAGAGCTTCC	AGGATATATT	TCACAGCTTC	AGGCATGTGA	TCAGTTAGAG	CCGATGAAAC	780
CTATGCCCGC	CTGTATATAT	ATTAGCAGCT	TAGCTAGTTC	ATAACCTGTA	TATTCTAAAG	840
ACTGCTAAGG	TTTTGTTTTT	ATTTTAAATC	CTAGCTGATT	GTTGTGGTCA	ATGAAATACC	900
CAGTTTCTGG	AGGGNCCAGG	TGGGAAATGC	TTTCACTGGA	CCAACACACA	AATGATCATC	960
CTGNAGGATC	TGAGCTTCCC	TANGACTCCA	CACAATAACN	GTTGGGGCAC	CCNTTTTANG	1020
AGAAGACTGT	TGAAACCCAC	AGCACTCGTT	GGGGTATGAG	GAAACCAGGG	NCTTGGCACA	1080
GGAAGTTCCC	CTTTGTAGCT	AAAAGTCCAG	AAAGAAAGGG	TTCATCTTTT	TGACTTCCAA	1140
CTGATATTGG	GAAGTTTGGT	TGAGGTTCAA	GTGTGACTCC	TTCCAGAGCC	ACAGGTAGGG	1200
GAGTGTGAAG	TTGAGGGGGA	GGAAAGCTGG	AAGGACTCTG	CCTTGGGAGA	TTCCCAGCTC	1260
TGCTTTCCAG	CGCTTGGTGG	NAATCTGGGC	TGGGGAAAGA	CNGGCACCNG	GGAAACTCTG	1320
CTTCCCCATT	GTTTCCATCT	GATCAGCTGT	GGTGTGAGGA	CTTCTCAGAC	AAAGGCAAGG	1380
CCTCNGTGCC	CCTGCCCAGC	CCATTTCATGG	AGCCCTGGGC	CTTCTTGGCT	TCCATAGATC	1440
CTAAGCTCTT	GACTGTAGTT	TAGCCAGACT	TGTTTTGCTA	TCTTATNAAG	CAGTTCAGAA	1500
TTANGGGAAT	GCTGGTTTTG	AAGAGCAAAG	GACAGGTAGT	CTAGNAGAGG	GNTCGTCTGG	1560
NCCTGCTTGC	TGGGNTCNNT	TTGTAACCCA	GCACTTCNT	CTTGCCCTCC	TGGCTTTATG	1620

TTTATNNGGG AGAGGACTCA ATNAGCTCCA CCCCTTCTTG GCACCAGATG GGGCTTTGGT1680
TAGTTTNGCA ATAAGCACCT TGCAGANGGN TTAAAGCCAG CGGGTCCCNT AGTCTTNNAG1740
GCCCAGCCTG CTGTGTGTGG GCTCTGGCCT GGCCTGGTGG CTGGCCAGG GCGGAGCAAG1800
TGCTTAGAGC TTCTGCAGGG CTTCTCTTGT TTACACAGCT GCATCAGACA ATGCCATTC1860
5 TCCCCACCAC GGAACCTTCC ATCTAAGATT TCTTCCANGG GAATGCCAGC AATCAGGCAG1920
CACCCAGCTG TGGGGGCAGT GGGGTGGGGG AGACCCACAT TGATGACTTT TTTTTTTTCT1980
TTTAATGAAG AAACACCAAA GAAAGCTGTG GAAAGGACCT GCCCCACATG AAAAGGATAA2040
GCCAAGATGG CTGTAAACAC AGAGCATTTG AGCTGCCACT CTTGGAGCAC ATTGATTTTT2100
CAAAGCCAG CTCTGTCAGG AAAGGAGGTG CTGTTATGAG CAGCTCTTCC AGTGGGNCAA2160
10 AGAGGACGCC CATNAATTC TTCCATTGCT AGCTCATCTG TGGGGACCAA TTTGGTGTTA2220
AGCAACCTGT GGCCTGCACT TGTGGCCTCG AAGGAAGCAC AAACCCTCCA TCCACTTCCC2280
ATTTCTCTG CCCTTTTCCA CCTCCCCCTT CCATCCCACC AGCTGCCNAG TGGCTNCCCA2340
GAAAGCCTTA TTGAGCCCCT TGTTGACACT TGGGGCTGCG GNAGGCCTCT CCCNTACTGG2400
TCTGGCCTTT CCTGAGAGGC AGGTCTTCCG TCCTCAGAGC CTTTCTGGAA CAAGGAGAAT2460
15 GCCTGTGNAC AGGTGGNNAC ACNACNAGG CTGGCCTGTN CGCTNCTCNA CTTGTCTTNC2520
CAGCGGGGAN GCTTNCACGT TGCCNGAGTG GAANGAANCC ATGACCNNTC CACTTNGCTT2580
NCCAAGGNTG NCTAGGGAAG TTTCAGGGTA CGCTGGNTTC CCCTCNTCCA GCTGGANGGC2640
CGAGTTTCTG GGNACNTGC AGATTTTNC TACTCTGTGA NTCGATTCAA TGCCCGATGC2700
TTCTGTTTNC ATTCCCGACC CTTTCTACTA TGCATTTTCC TTTTATCAGG TGTATAAAGT2760
20 TAAATACTGT GTATTTATCA CTAAAAAGTA CATGAACCTA AGAGACAACCT AAGCCTTTCG2820
TGTTTTTCCA CAGGTGTTTA AGCTTCTCTG TACAGTTGAA ATAAACAGAC AGCAAAATGG2880
TGCCAANAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 2912

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 850 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

50

CCGTGTTGTA CGGCGGACTT CTCGCGCAGT GAATGACCTG GAAGTGATGC CTAAAGCTGT 60
GGACCGCGCG GGATCGCCTC CCTGGGACTA GGTTTCAGCG GCCGCTGCGA TGACCAAAAT120
AAAGGCAGAT CCCGACGGGC CCGAGGCTCA GCGGAGGCG TGTTCCGGGG AGCGCACCTA180
CCAGGAGCTG CTGGTCAACC AGAACCCCAT CGCGCAGCCC TGGCTTCTCG CCGCCTCACG240

CGGAAGCTCT ACAAATGCAT CAAGAAAGCG GTGAAGCAGA AGCAGATTCG GCGCGGGGTG300
 AAAGAGGTTT AGAAATTTGT CAACAAAGGA GAAAAAGGGA TCATGGTTTT GGCAGGAGAC360
 AACTGCCCCA TTGAGGTATA CTGCCATCTC CCAGTCATGT GTGAGGACCG AAATTTGCCC420
 5 TATGTCTATA TCCCCTCTAA GACGGACCTG GGTGCAGCCG CAGGTCCAAG CGCCCCACCT480
 GTGTGATAAT GGTCAAGCCC CATGAGGAGT ACCAGGAGGC TTACGATGAG TGCCTGGAGG540
 AGGTGCAGTC CCTGCCCCTA CCCCTATGAG GGGCTCCGGT AGCACCTGGG CACCTGCCGC600
 TGGAAGCTAT TGGGCTGGCA GCAGGACGAC TGGCTGTCCT CCTGCCACC CACACTGACG660
 GCATCTTCCC AGTTCCCCAA GGCACGCCTT CTTCCCAGGC AGCTCTAACA GCCCTTTCAT720
 GAAGGTAATG CTAGTCTTCT GTCCATCAGT GCCATTTCTT GTAGAACTAA AGGCTGTTCC780
 10 AAGAATGTGG GGTGGGGAAA GTAAATGCTA AGACTAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA840
 AAAAAAAAAA 850

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:2223 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164:

GGTGGGTGGA GCCAGGCTTG GCGGGCTGTG CGTGCTCGCG GTGGGCGGTG GCGGCGGCTG 60
 40 CCTCGCGAAG GTTCGAGATC CGTCGCGTGC GGGAGGCGGG CCGCGATCTT GCGCAGGGTC 120
 GGTGTGGGCG CAGGCTGCAG CGCCGCGACT CGTGCGGGTA GGCGTCTGCG CTCGGTTTGA 180
 GGGCTCGGCG CGGGGTTTCC TGTTCTTCT TCTGCGCGGC TGCAGCTCGG GACTTCGGCC 240
 TGACCCAGCC CCCATGGCTT CAGAAGAGCT ACAGAAAGAT CTAGAAGAGG TAAAGGTGTT 300
 GCTGGAAGG GCTACTAGGA AAAGAGTACG TGATGCCCTT ACAGCTGAAA AATCCAAGAT 360
 45 TGAGACAGAA ATCAAGAACA AGATGCAACA GAAATCACAG AAGAAAGCAG AACTTCTTGA 420
 TAATGAAAAA CCAGCTGCTG TGGTTGCTCC CATTACAACG GGCTATACGG TGAAAATCAG 480
 TAATTATGGA TGGGATCAGT CAGATAAGTT TGTGAAAATC TACATTACCT TAACTGGAGT 540
 TCATCAAGTT CCCACTGAGA ATGTGCAGGT GCATTTTACA GAGAGGTCAT TTGATCTTTT 600
 GGTAAAGAAT CTAAATGGGA AGAGTTACTC CATGATTGTG AACAACTCTT TGAAACCCAT 660
 50 CTCTGTGGAA GGCAGTTCAA AAAAAAGTCAA GACTGATACA GTTCTTATAT TGTGTAGAAA 720
 GAAAGTGGAA AACACAAGGT GGGATTACCT GACCCAGGTT GAAAAAGGAGT GCAAAAGAAA 780
 AGAGAAGCCC TCCTATGACA CTGAAACAGA TCCTAGTGAG GGATTGATGA ATGTTCTAAA 840
 GAAAATTTAT GAAGATGGAG ACGATGATAT GAAGCGAACC ATTAATAAAG CCTGGGTGGA 900

5 ATCAAGAGAG AAGCAAGCCA AAGGAGACAC GGAATTTTGA GACTTTAAAG TCGTTTTGGG 960
AACTGTGATG TGATGTGGAA ATACTGATGT TTCCAGTAAG GGAATATTGG TGAGCTGCAT1020
ATATAAATTT GACAGATAGC TATTTACATA GCCTTCTAAG TAAAGGCAAT GAATTCTCCA1080
TTTTCTACTG GAGGATTTAT TTAAATAAAA TATGCTTATT AAACACTCCT GCAAAGATGG1140
10 TTTTATTAGT ACCCTGGTCA TTTTGTTCOA GGAAGGGTTA TATTGCATTC TCACGTGAAA1200
TATAAAAAGC AAGTCTTGCC CAATAAAAAC GCTACATTGT GTGTATTTTT TGTTCAGCTA1260
AGAATTGGAA AAGTATTTGC TTGCCTTTTA AGTTACTGAC ATCAGCTTCC ACCAGTGTA1320
AAATTGAGTA AAACCTGAAG TTTTGCATAA AATGCAAATC GGTGCCTGTG CTTGAAGGT1380
GCTGTAGAGC ATCTGACCCC TTATTACCAC CTTAAGCAAT GTATATGCCA TGCATTACCA1440
10 TGCATAATT CAATCACAGG TGTTCCTATC TAGATTTTAA TATATTTGTC AATGAATGTG1500
GAATAGAAAA TCTAAACATG ACAATAATAG ACATATCTTT GTATGGTACC AGTTAGTTTT1560
GCCGTGGATC AGATGGTTTA TAAAAGTAAT AACCATAAAG CAAAAAATAA TTTGAAAAGCC1620
CGTCTATTCC TATGCTCAAT AAAGTTAAGT TTTTCTTCAT TAGAACAGTT TTATGATTTA1680
TTTGTCTAGG AGTATGTCAG AAAAATCAGG CTTTGTAGTAG GAATTACTCC TATCCCCCT1740
15 GAAGTCAGGA CCAGTGCCTG TGATCTCCAT TACTTTATTT TCCTGGAGGT ATTAGCCAAC1800
ACAGTTAGAT CAGAGAAAGC AATTGAAGCC AGGCATGAAG TGGCGCCCGT AATCCCAGCT1860
ACTAAGGCTG GAGGATCACT TCAGCCCAGG AGTTTAAGGC TGCAGTGAGC TATGATGATG1920
CCACTGTACT GCAGCTTGGG TAACAGATTG AGAACCTGTC TCATTAAAAA AAAAAAAAAA1980
AAAAAAGCCG TTAGACACAC AGGAAAAATC CAGAAGGGTA AACTAACTA AAGTCCAATT2040
20 AATATGGGAA TTTGGAAGAA GTGGTAGGAT TTAAAATACA GAACCAGTTT ATGTTAGGAT2100
AGTATAAGTA AATCTGAACA CATTATGGCC TCTGTAATTG GGGTTGCACA TGACAGATGG2160
CAGCACAAATC ATTGAAAGTT CAGATATGGT AAAGTGGGTA GATGGTTTTA TGTCTAGTAC2220
TGA 2223

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 547 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

QDFIGGEPTP GRYCHGGFGV LLSRMLLQQL RPHLEGCRND IVSARPDEWL GRCILDATGV 60
45 GCTGDHEGVH YSHLELSPGE PVQEGDPHFR SALTAHPVRD PVHMYQLHKA FARAELEERTY 120
QEIQELQWEI QNTSHLAVDG DRAAAWPVGI PAPSRPASRF EVLRWDYFTE QHAFSCADGS 180
PRCPLRGADR ADVADVLGTA LEELNRRYHP ALRLQKQQLV NGYRRFDPAR GMEYTLDLQL 240
EALTPQGGRR PLTRRVQLLR PLSRVEILPV PYVTEASRLT VLLPLAAAER DLAPGFLEAF 300
ATAALEPGDA AAALTLLLLY EPRQAQRVAH ADVFAPVKAH VAELERRFPG ARVPWLSVQT 360
50 AAPSPRLRMD LLSKKHPLDT LFLLAGPDTV LTPDFLNRCL MHAISGWQAF FPMHFQAFHP 420
AVAPPQGP GP PELGRDTGRF DRQAASEACF YNSDYVAARG RLAAASEQEE ELLESLDVYE 480
LFLHFSSSLHV LRAVEPALLQ RYRAQTCSAR LSEDLYHRCL QSVLEGLGSR TQLAMLLFEQ 540
EQGNST* 547

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

TAAACMPSPA	GRPSFPCISK	PSTQLWPHHK	GLGPQSWAVT	LAALIARQPA	RPASTTPTTW	60
QPVGAWRQPQ	NKKRSCWRAW	MCTSCSSTSP	VCMCCGRWSR	RCCSATGPRR	AARGSVRTCT	120
TAASRACLRA	SAPEPSWPCY	SLNRSRATAP	DPTLSPWAVA	WPHPTPLLPQ	NQSHLPASLG	180
RAGRSQTPSW	PTGPLSGSVG	PWALDKHWGT	CPQSHPLLIP	NPVSLPPDAA	DSGCGLHVM	240
QYSLPDASPA	SGPWGLGCRR	VVGEGGS*				268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

MKRQLGRLLL	LRRVLDPLLC	DFLDSQDSGS	LCFCFRWLLI	WFKREFPPFD	VLRLWEVLWT	60
GLPGPNLHLL	VACAILDMER	DTLMLSGFGS	NEILKHINEL	TMKLSVEDVL	TRAEALHRQL	120
TACAEGP TTC	RRSGVGRP					138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

15	RHWGAGVDRL NYEDHCFSGH ATMHAENLWP GRLSSVQQIL QLSDLWRLTL QKRGCKGLVK	60
	VGAPGILQGM VLSFGGLQFT ENHLQFQADP DVLHNSYALH GIRYKNDHIN LAVLADAEGK	120
	PYLHVSVESR GQPVKIYACK AGCLDEPVEL TSAPTGHFTS VMVTQPITPL LYISTDLTHL	180
	QDLRHTLHLK AILAHDEHMA QQDPGLPFLF WFSVASLITL FHLFLFKLIY NEYCGPGAKP	240
	LFRSKEDPSV *	251

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

40	PVEADPPEAW LQGAGEGGCP RHPAGDGAQL WGAAVHREPP PVPGRPRRAA QQLCIAWHPL	60
	QERPYPQGRA GGCRGQALPT RVRGVWPAC QDLCLQGRLP GRASGADLGA HGPHELLGHGD	120
	TAHHATALHL HRPHTPAGPA AHAAPQGHGP P*	152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 315 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

VIFYLYNKVY	LHGSFDFDPS	QQRHCTSASS	RFGSSLPVPY	VTEASRLTVL	LPLAAAERDL	60
APGFLEAFAT	AALEPGDAAA	ALTLLLLLYEP	RQAQRVAHAD	VFAPVKAHVA	ELERRFPGAR	120
VPWLSVQTAA	PSPLRLMDLL	SKKHPLDTLF	LLAGPDTVLT	PDFLNRCRMH	AISGWQAFFP	180
MHFQAFHPAV	APPQGPPE	LGRDTGRFDR	QAASEACFYN	SDYVAARGRL	AAASEQEEEL	240
15 LESLDVYELF	LHFSSLHVL	AVEPALLQRY	RAQTCSARLS	EDLYHRCLQS	VLEGLGSRTQ	300
LAMLLFEQEQ	GNST*					315

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

20 (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

TAAACMPSPA	GRPSFPCISK	PSTQLWPHHK	GLGPQSWAVT	LAALIARQPA	RPASTTPTTW	60
QPVGAWRQPQ	NKKRSCRAW	MCTSCSSTSP	VCMCCGRWSR	RCCSATGPRR	AARGSVRTCT	120
TAASRACLRA	SAPEPSWPCY	SLNRSRATAP	DPTLSPWAVA	WPHPTPLLPQ	NQSHLPASLG	180
RAGRSQTPSW	PTGPLSGSVG	PWALDKHWGT	CPQSHPLLIP	NPVSLPPDAA	DSGCGLHVFM	240
40 QYSLPDASPA	SGPWGLGCRR	VVGEGBS*				268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

45 (A) LÄNGE: 259 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

	YDPIGFGLSW	EAGRIIGWVK	PTRGRGRGGS	LSTRGRGSEV	PDSAHLAPTP	LFSESGCCGL	60
10	RSRFLTDCKM	EEGNNLGGLI	KMVHLLVLSG	AWGMQMWVTF	VSGFLLFRSL	PRHTFGLVQS	120
	KLFPFYFHIS	MGCAFINLCI	LASQHAWAQL	TFWEASQLYL	LFLSLTLATV	NARWLEPRTT	180
	AAMWALQTV	KERGLGGEVP	GSHQGPDPYR	QLREKDPKYS	ALRQNFRRYH	GLSSLCNLGC	240
	VLSNGLCLAG	LALEIRSL*					259

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 207 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

	DGPSTGLVRC	LGHANVGDLR	LRLPAFPKPS	PTYLR TSAEQ	TLPLLLPHLH	GLCLHQPLHL	60
	GFTACLGSAH	ILGGQPALPA	VPEPYAGHCQ	RPLAGTPHHS	CHVG PANRGE	GARPGWGGTR	120
35	QPPGSRSLPP	AAREGPQVQC	SPPEFLPLPW	AVLSLQSGLR	PEQWALSRWP	CPGNKEPLAW	180
	ALHANKCFFR	KKKKKKRGER	KRKRREE				207

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

40 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

5 ISFLEQGNLV IVLSLPRIHP YLENWGLKAI RIHQFKNTYV HLISNTNYPE ETKIDQIYSS 60
K* 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

10 (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

25 CLPQYWKCHE FSIRRTLLLV HFKVIPVIVA KESTQWEMEE KCRESKQLVF SFITEVL* 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

30 (A) LÄNGE: 252 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176

45 AWGPAPAGTA LRAGLGVGRA EPHGALRAAP AWASLADFDW VWDDLNKSSA TLLSCDNRKV 60
SFHMEYSCGT AAIRGTKELG EGQHFWEIKM TSPVYGTMM VGIGTSDVDL DKYRHTFCSL 120
LGRDEDSWGL SYTGLLHHKG DKTSFSSRFG QGSIIGVHLD TWHGTLTFFK NRKCIGVAAT 180
50 KLQNKRFYPM VCSTAARSSM KVTRSCASAT SLQYLCCHRL RQCGQTRETR WRVCRCRRAS 240
SRCYTTSWAG S* 252

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

5 (A) LÄNGE: 191 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

20 GPAAADPPA CLPSLAALAQ AVAAQVLEGS GAGTGAGDLH AAPGRRGAHH RVESLVLQLG 60
GCHTYTLPVL EKGECAVPGV QVHANDGALA EPRREAGLVA LVVEEARVGE APAVLIPAQQ 120
AAERVAVFVQ VHIRRPDAHH HVGAVDGRGH LDLPEVLALP QLLGAPDGRC AA AVLHVEAD 180
LTVVTAQQGG * 191

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

LRKIPHFRSP RHRSHLPAPR WVLAPAPVWQ GPGSVGARSR RRRHGVSTSL IRETPFTKAM 60
EVEAAEARSF APGYKRSGRR YKCLSCTKTF PNAPRGARHA ATHGPADCSE EVAEVKPKPE 120
45 TEAKAEASG EKVSASGAKP RPYRCPLCPK AYKTAPDVRS HRRSHTGEKP FPCPECGR 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

50 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

15	REVSKCWTE	GGRWDEPHSP	LLKNDHLQDS	VIPGGQALPA	LGHTWLRHPW	SQCLGWRRPV	60
	LAARCGALES	SPISFLATPV	QRPLQPHSAP	TYLGTPAGAR	EYQGGRAQRD	QGKPLAWRVW	120
	GTLPQGRTRQ	EEAQELGPAA	QELGPATQAG	LGTWQGLGIL	TLDLGDLDGGT	GRGEMGGPAP	180
	AQCRPHPCTE	APPCHAPRRL	PELTGG				206

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

	ELDGMEDGGQ	REERKRNAKC	GQPPRVKIEG	SVMQVLDRRR	QVGRAPQPPP	QKRPPPGGLSD	60
	PWGAGSASPR	PHVAPAPMVP	VPWMETASSG	GQMWCSGIQS	HFLPGHACPA	ASSAAFSPYL	120
40	PGDPGWGTRV	PGG*					134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181

10 RMKCSQPPRC HFQSDFFQKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60
SGVGWVVSPP IQTQEVAP EG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF 120
SLWAHQDAPR RACARVPT* 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

15

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGSG 60
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPQPW 120
QPCPLGKVIS DL 132

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

5 GQDSPTGKSN ILVFKLGGTS LSLSVMEVNS GIYRVLSTNT DDNIGGAHFT ETLAQYLASE 60
FQRSFKHDVR GNARAMMKLT NSAEVAKHSL STLGSANCFL DSLYEGQDFD CNVSRARFEL 120
LCSPLFNKCI EAIRGLLDQN GFTADDINKV VLCGGSSRIP KLQQLIKDLF PAVELLNSIP 180
PDEVIPIGAA IEAGILIGKE NLLVEDSLMI ECSARDILVK GVDESGASRF TVLFPSGTPL 240
PARRQHTLQA PGSISSVCLE LYESDGKNSA KEETKFAQVV LQDLDDKKENG LRDILAVLTM 300
10 KRDGSLHVTCTDQETGKCEA ISIEIAS* 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 417 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

30 MSSNCTSTTA VAVAPLSASK TKTKKKHFVC QKVKLFRASE PILSVLMWGV NHTINELSNV 60
PVPVMLMPDD FKAYSKI KVD NHLFNKENLP SRFKFKEYCP MVFRNLRRERF GIDDQDYQNS 120
VTRSAPINS D SQGRCGTRFL TTYDRRFVIK TVSSEDVAEM HNILKKYHQF IVECHGNTLL 180
PQFLGMYRLT VDG VETYMVV TRNVFSHRLT VHRKYDLKGS TVAREASDKE KAKDLPTFKD 240
NDFLNEGQKL HVGEESKKNF LEKLKRDVEF LAQLKIMDYS LLVGIHDVDR AEQEEMEVEE 300
RAEDEECEND GVGGNLLCSY GTPPDS PGNL LSFPRFFGPG EFDPSVDVYA MKSHESSPKK 360
35 EVYFMAIIDI LTPYDTKKKA AHAAKTVKHG AGAEISTVNP EQYSKRFNEF MSNILT* 417

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 209 Aminosäuren
40 (B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

5 MCGNNMSTPL PAIVPAARKA TAAVIFLHGL GDTGPVRPVT LNMNVAMPSW FDIIGLSPDS 60
QEDESIGKQA AENIKALIDQ EVKNGIPSNR IILGGFSQGG ALSLYTALT T QOKLAGVTAL 120
SCWLPLRAS F PQGPIGGANR DISILQCHGD CDPLVPLMFG SLTVEKLKTL VNPANVTFTK 180
YEGMMHSSCQ QEMMDVKQFI DKLLPPID* 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

10

- (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

LPKYPAPRLL PSLPADLRAD SPGGHGRGPH GAQQLLVGAR LLGTPSWGPG GHLRLPVCQL 60
AGGAAPRHLP ARGQHPAGQL AHCHVQLHIR QSTGQQRSL EGAGYRLIRE FHSR PALAPP 120
FIVISHLRL LRQLCRRPRS PQPSSPALEH FRVYLSKEAE RKLLTWESVH KENFLLARAR 180
30 DKRESDSERL KRTSQKVDLA LKQLGHIREY EQRLKVLERE VQQCSRVLGW VAEALSRSAL 240
LPPGGPPPPD LPGSKD* 257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

35

- (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

AEAGGSLASG GPGPGHASLS QRLRLYLADS WNQC DLVALT C FLLGVGCRL TPGLYHLGRT 60

VLCIDFMVFT VRLHIFTVN KQLGPKIVIV SKMMKDVFFF LFFLGVWLVA YGVATEGLLR 120
PRDSDFPSIL RRVFYRPLYQ IFGQIPQEDM DVALMEHSNC SSEPGFWAHP PGAQAGTCVS 180
QYANWLVLVLL LVIFLLVANI LLVNLLIAMF SYTFGKVQGN SDLYWKAQVT ASSGNSTLGP 240
RWPRPLSSSP TCASCSGNCA GDPGAPSRPP RPSSISGFTF LRKPSGSC* 289

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

IYGVSFLLIFN IKNIYVSVIP CQGCLLVCLR FCFIFIHVVV IFSSQFLLVS PFPGSFLLLL 60
25 LSVGDDKLVS LRALHLWIFL XSLTGQPAPV GSGPVLRLPR SLFHLQVCLP XPAPGLAPAA 120
ACPSEALLSP PGSHGWFFLS QLVSLNPKPL RNWGLVSGTC CYQ* 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

30

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

45

PLSFLMYKTL LSGLEFEHLW XFIYFAXVCG QSNIFPKYIL PRKXKKQIRX FDXKXNRPXK 60
GAXTWSRAWX RGKAXRGQVC CGQICAYFIT GVKXKQXSID VXRIYTVXRN XXXFXKNRN 120
TXWXXFYHXX YTFSLWXNXL TKLXFKIKLM * 151

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

LVKGMTVLEA VLEIQAITGS RLLSMVPGPA RPPGSCWDPT QCTRTWLLSH TPRRRWISGL 60
PRASCRLGEE PPPLPYCDQA YGEELSIRHR ETWAWLSRTD TAWPGAPGVK QARILGELL 120
V* 122

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

RWHLIRLDQV TRQQQLSRAE AQGRGPAVHL QDPGEPVAVL ARSAEIASSV SLQQEQNQLW 60
PRWVGGS AFL AMAAATPRQE TAECLEGCNT RSNRQPPLFL MSDGQALQHL DRHGGWS* 118

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

10 NTNQFLSITY QYEVKKLRQP FLQIKHMNPM TFLTAEMLPP PQQLGRPVLE GSGCLLGRMC 60
TWNTGCAQIT PGTVCAHPVR RKLASPTPWK PRRHTPVLDI CHPEPKRPLT SGAPSTTSAG 120
PCCGQVARTL VPRVPSTVPG TWWILRSACC TEAVCSGKGC SEHRSLCI* 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

15

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

IQSDLCSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHVPG TVLGTRGTKV RATCPQQGPA EVVEGAPEVR 60
GRFGSGWQVS STGVWRRGFH GVGEASFLLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHDPDPSS 120
TGRPSCCGGG SISA VRKVIG FMCFICKNGC LNFLT SYW* 159

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

5 AWGRSPGLAT RFKDVSDPSR YPLLRRGRRR GSAPGAGPVV GGRAGVVRVV QAALGGSEHA 60
LRLHHEHVVE VPHQHRQQWQ KRQAVAEASE GAAHGKGQPV DQPGDGKETS EQREQFEGIL 120
GQVSGKHGQV EEVENKELDR LGHISPVDLH LPPWLPGKPK GRKA* 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

10 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

25 PVMLFCPSAL WGATAGGGDP PAICGPVGPA LYSLLLQPGR AFHLPAPGYF QTAPSAHWSL 60
CRLPADLLAD LCRGPLLPRL RLRPDVSATA VDADVEPLLH VRGGAGAAHAH CHREPPGLPG 120
PRPLGLRLQA PPLGLSLSAL ALGVGGSGLG LTHL* 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

35 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

50 XXLXSXVXXS WXXSTXATXK XPRWDXKXXS XQARPPXVXT XXQAFSLFQK GSEDGRPASQ 60
ERPDQXGRGL PQPQVSTRGS IRLSGXPLGS WWDGRGRWKR AEEMSGSWRV CASFEATSAG 120
HRLLNKTLVP TDELAMEEIX GRPLXPTGRA AHNSTSFDPDR AGF* 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 5 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

20 ATCGHLHWPR RKHKPSIHFP FPLPFSTSPF HPTSCXVAXQ KALLSPLLTL GAAXGLSXTG 60
LAFPERQVFR PQSLSGTTRM PVXRWXHXXA WPVRXSTCLX SGXAXTLPEW XEXMTXPLXX 120
PRXXREVSOGY AGFPSSSWXA EFLGXXQIFX TL* 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- 25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

40 SCGPRGIASL GLGFSGRCDD QNKGRSRRAR GSGGGVFRGA HLPGAAGQPE PHRAALASRR 60
LTRKLYKCIK KAVKQKQIRR GVKEVQKFVN KGEKGIMVLA GDTLPPIEVYC HLPVMCEDRN 120
LPYVYIPSKT DLGAAAGPSA PPV* 144

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- (A) LÄNGE: 229 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STrang: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

	MASEELQKDL	EEVKVLEKA	TRKRVRDALT	AEKSKIETEI	KNKMQQKSQK	KAELLDNEKP	60
	AAVVAPITTG	YTVKISNYGW	DQSDKFVKIY	ITLTGVHQVP	TENVQVHFTE	RSFDLLVKNL	120
15	NGKSYSMIVN	NLLKPISVEG	SSKKVKTDTV	LILCRKKVEN	TRWDYLTQVE	KECKEKEKPS	180
	YDTETDPSEG	LMNVLKKIYE	DGDDDMKRTI	NKAWVESREK	QAKGDTEF*		229

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 20 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2000 bp aufweist.
- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 1700 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 5 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 10 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 15 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 20 22. Ein Protein gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß es aus einem Phage-Display stammt.
- 25 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.
- 30 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 35 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 40 26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
- 45 27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 in sense oder antisense Form.
- 5 29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.
- 10 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.
- 15 31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.
- 20 32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 25 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 30 34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164.
- 35 35. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
36. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

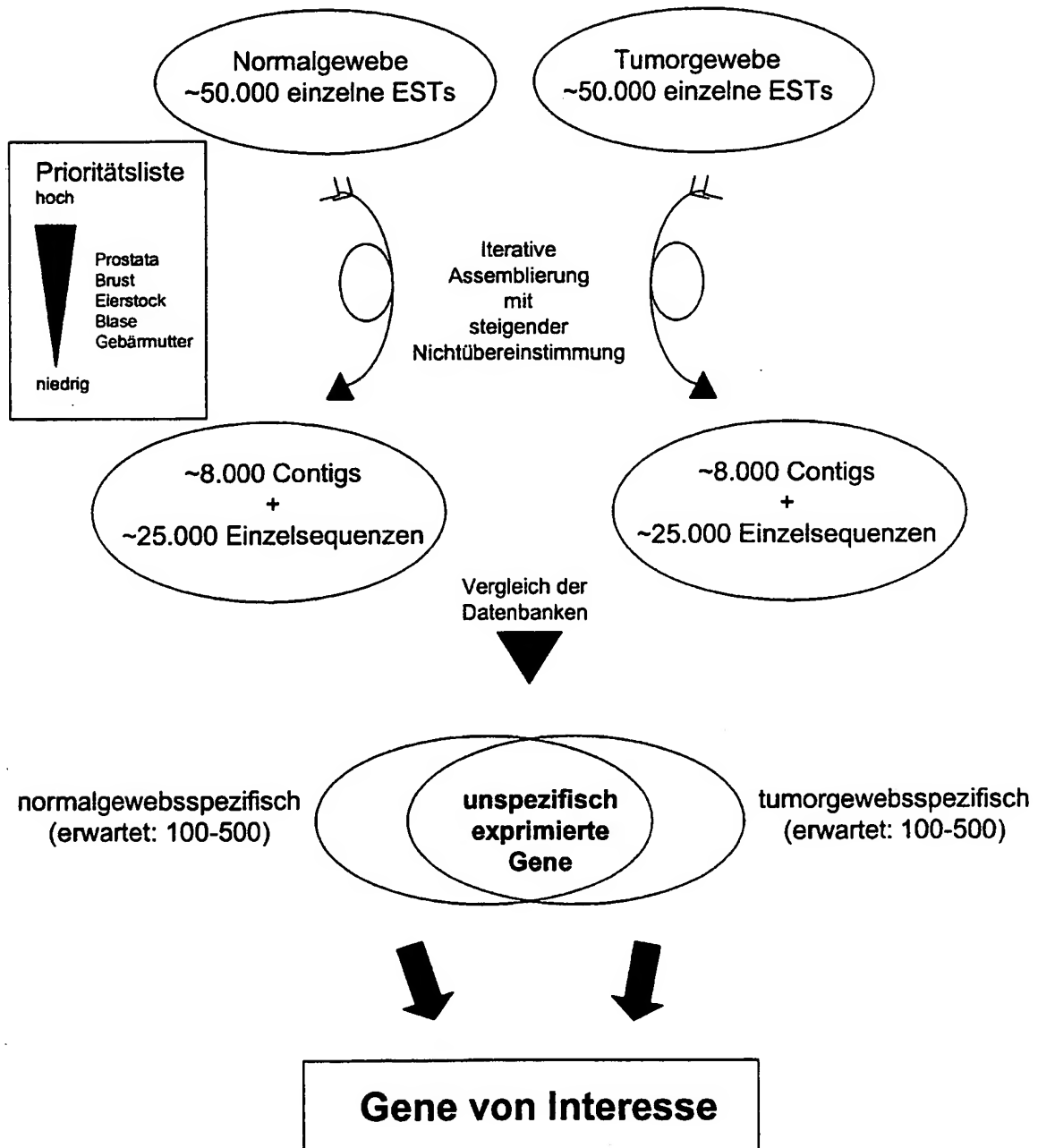


Fig. 1

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

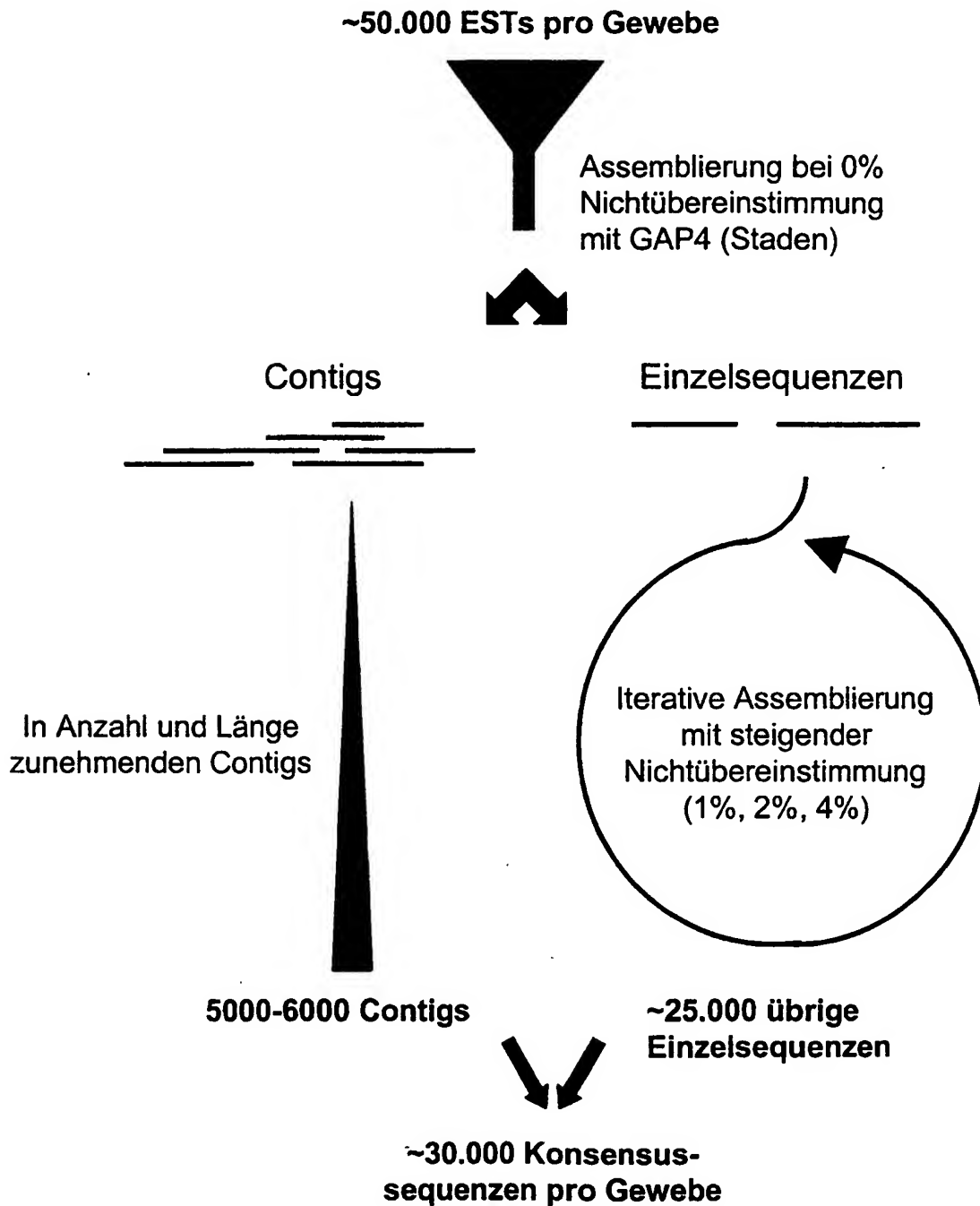


Fig. 2a

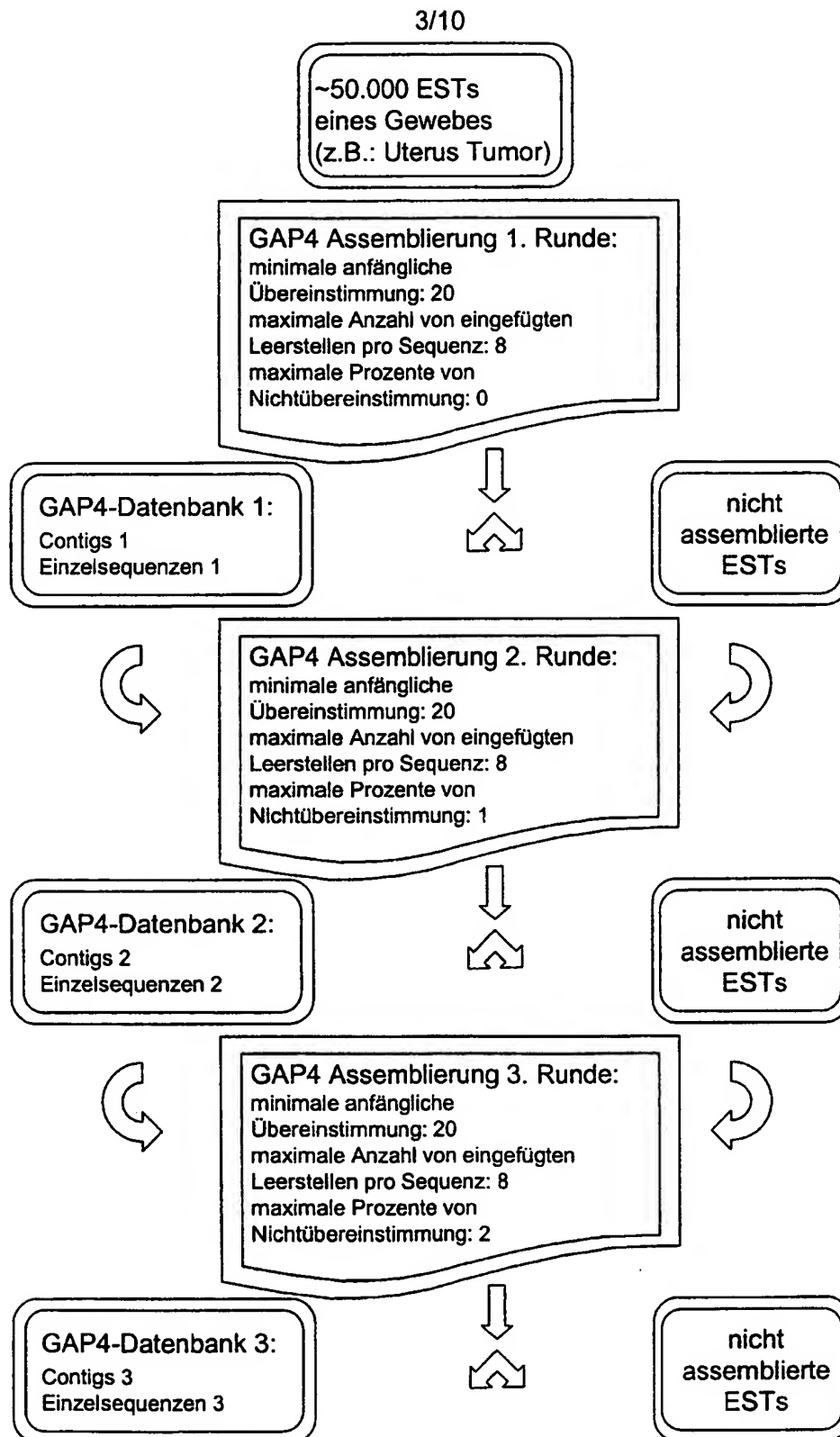


Fig. 2b1

4/10

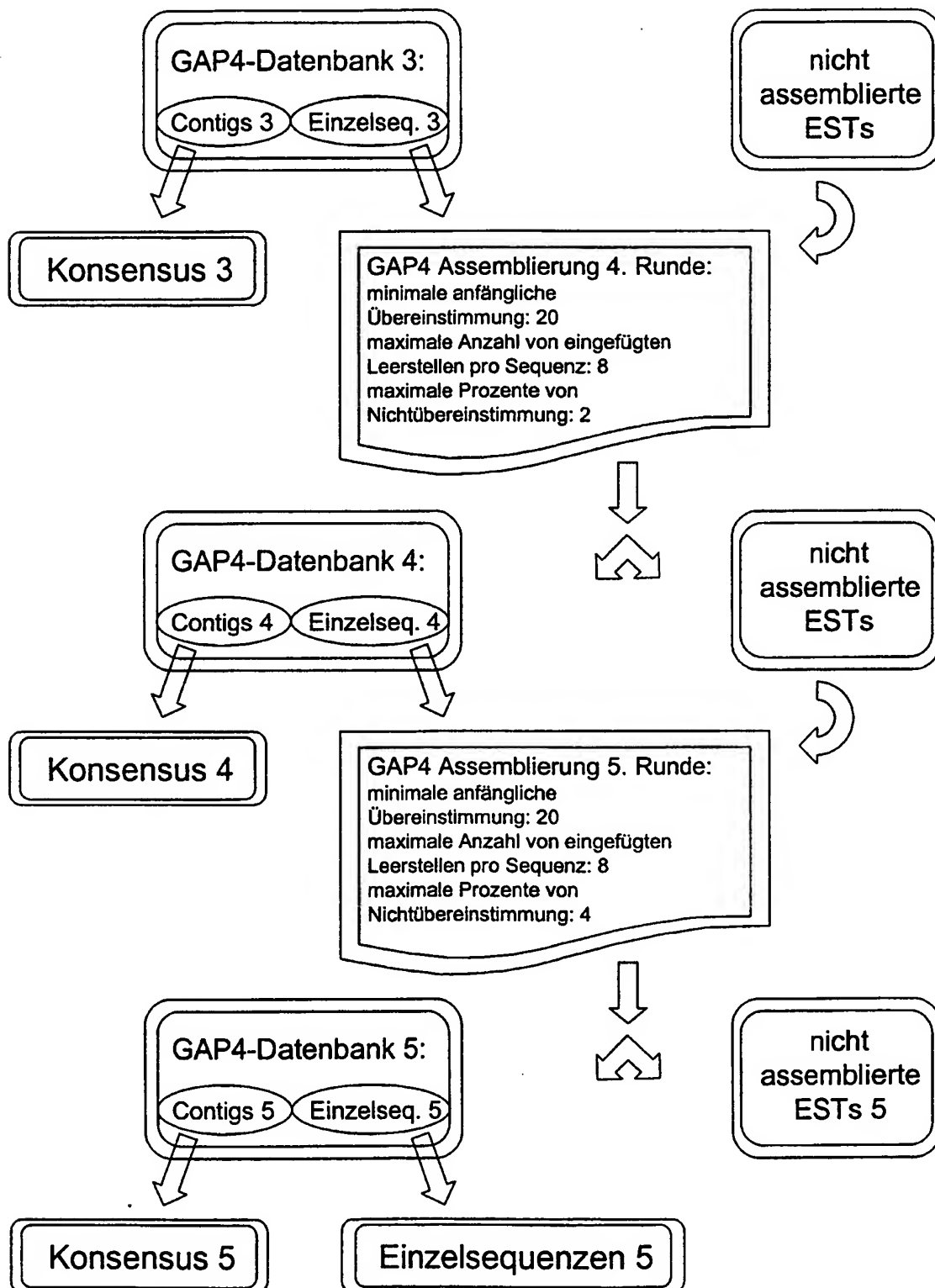


Fig. 2b2

5/10

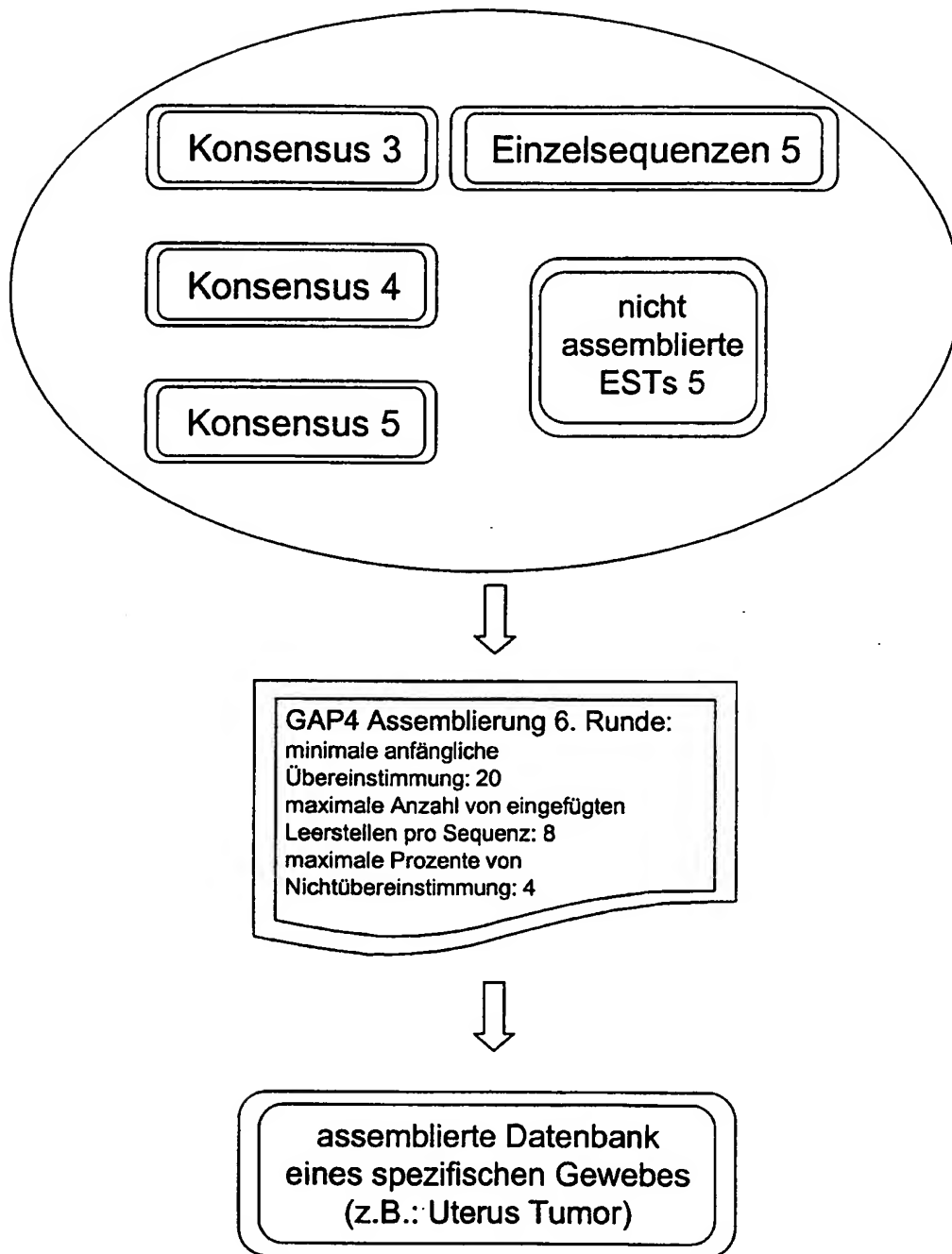


Fig. 2b3

6/10

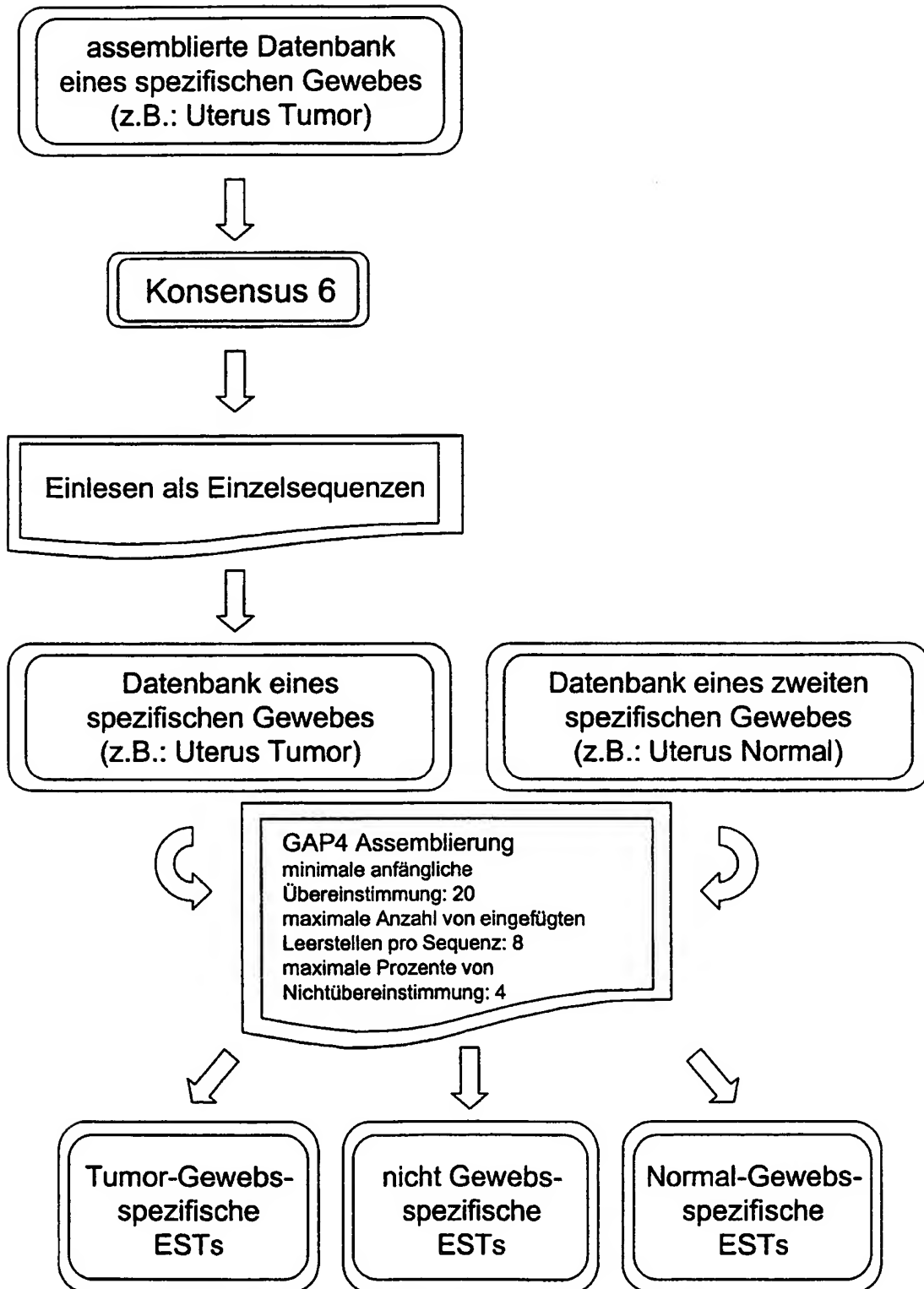


Fig. 2b4

7/10

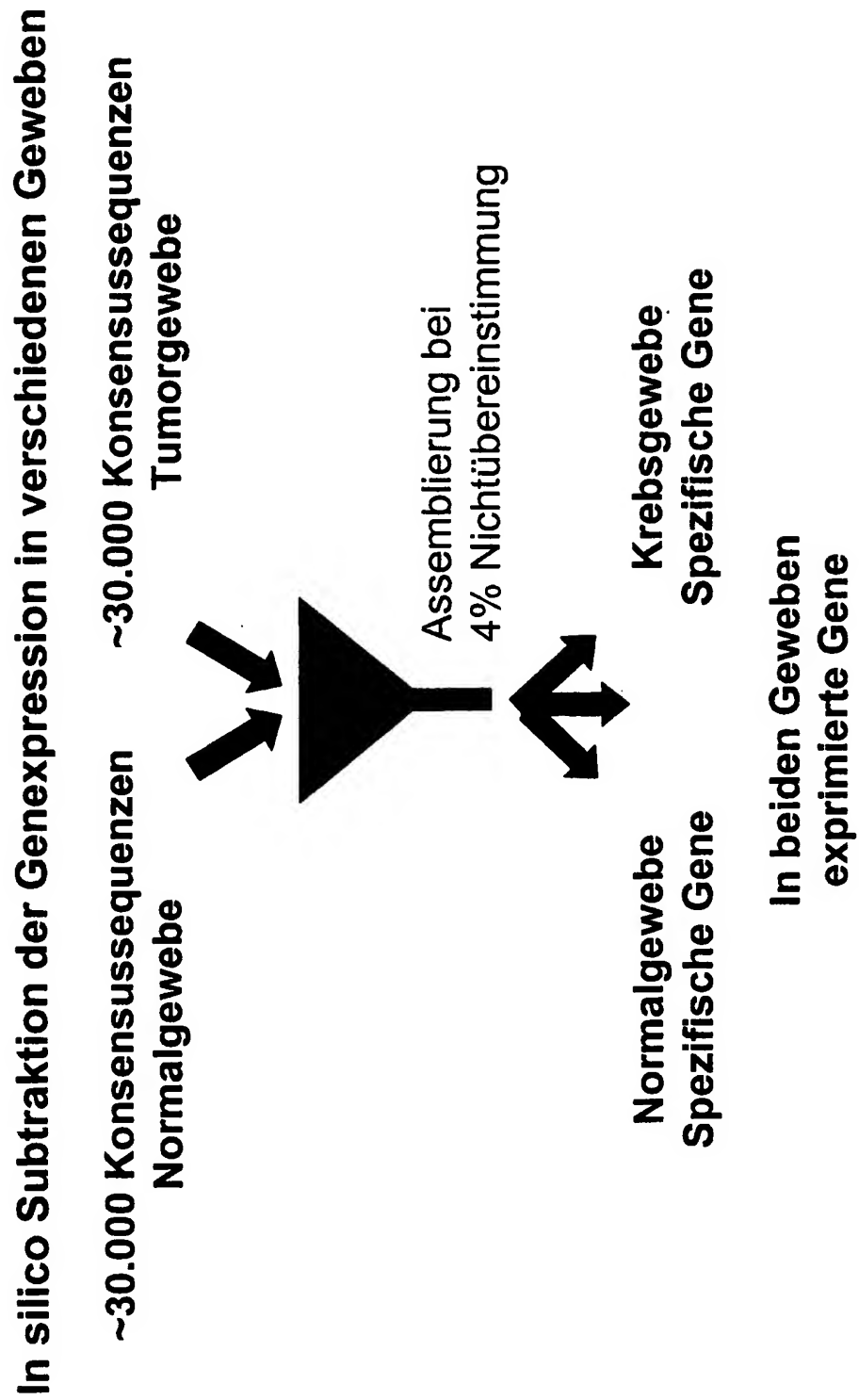


Fig. 3

8/10

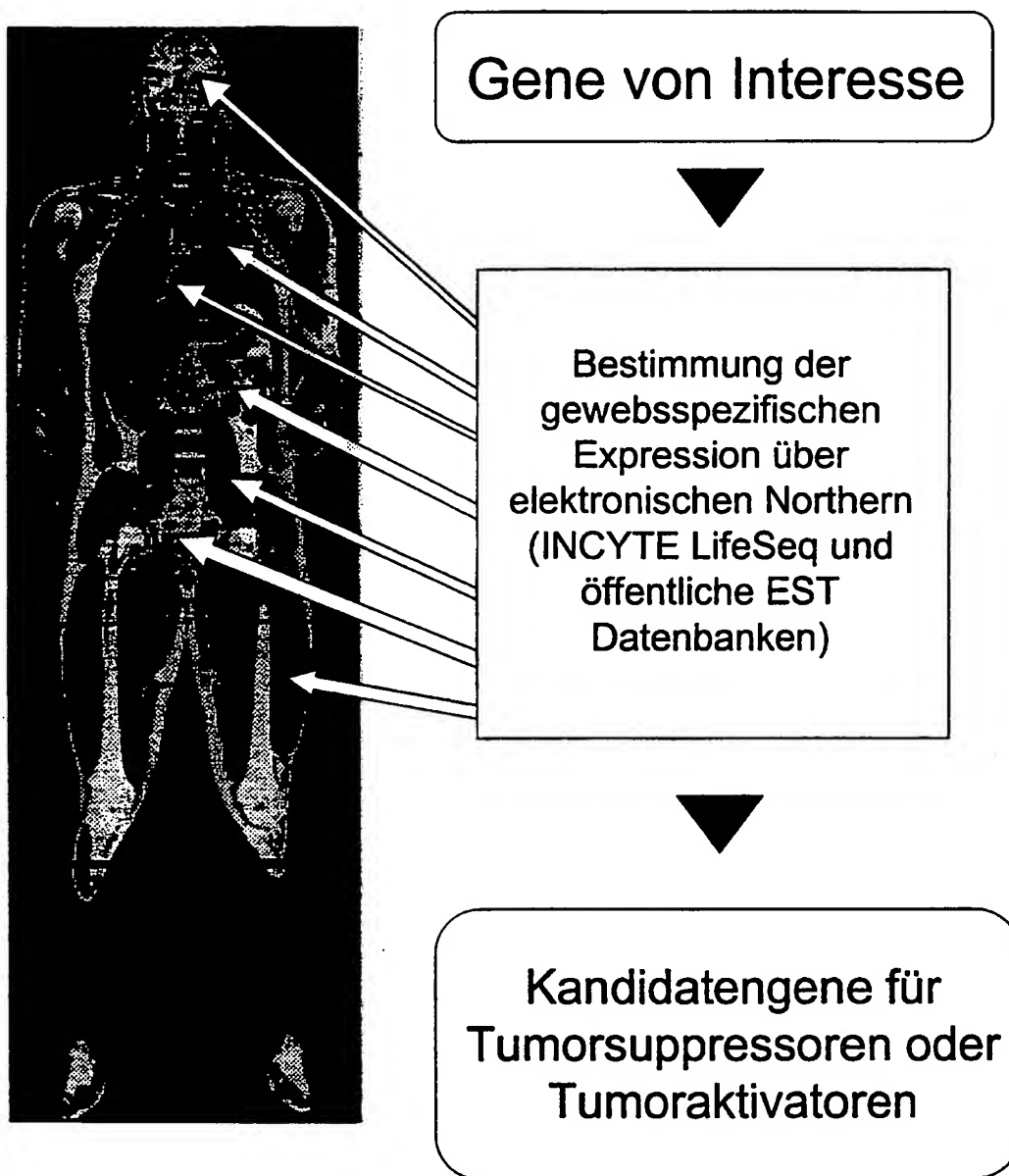


Fig. 4a

9/10

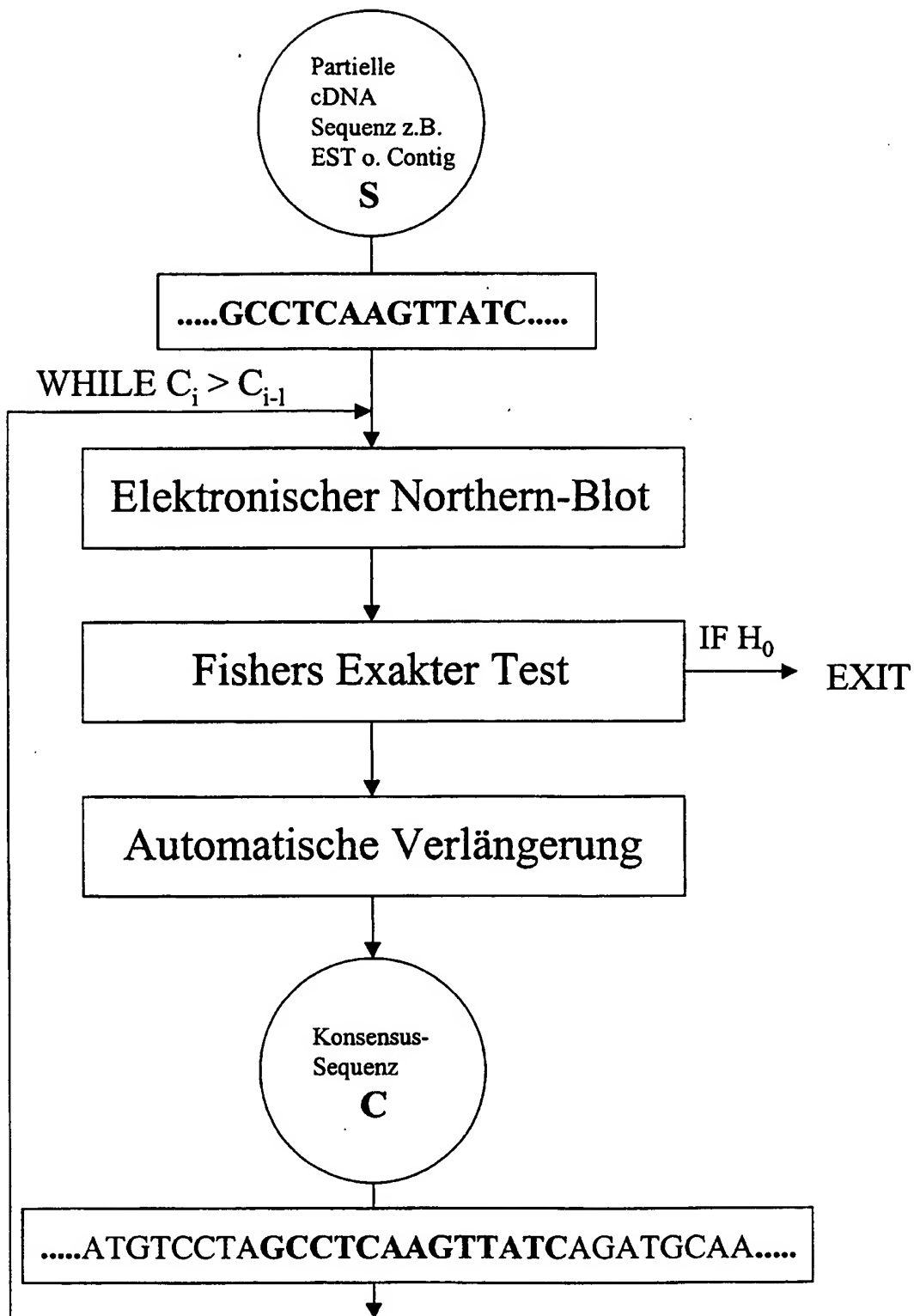


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00	A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/46374 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 16. September 1999 (16.09.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00721 (22) Internationales Anmeldedatum: 9. März 1999 (09.03.99) (30) Prioritätsdaten: 198 11 193.2 10. März 1998 (10.03.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i> (88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 6. Juli 2000 (06.07.00)	
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATATUMORGEWEBE (57) Abstract <p>The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – from prostate tumour tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.</p> (57) Zusammenfassung <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Gewebe von Prostatatumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Application No

PCT/DE 99/00721

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER IPC 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C12N5/10 C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68 G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00					
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC					
B. FIELDS SEARCHED Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) IPC 6 C12N C07K C12Q					
Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched					
Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)					
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT					
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages				Relevant to claim No.
X	YANG, Z. & WENSEL, T.: "Molecular cloning and functional expression of cDNA encoding a mammalian inorganic pyrophosphatase" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY., vol. 267, 5 December 1992 (1992-12-05), pages 24641-24647, XP002127621 ISSN: 0021-9258 figure 4				1,7, 10-12, 15-19, 23-25
A	--- WO 97 36535 A (UNIV TEXAS) 9 October 1997 (1997-10-09) page 4 -page 16 page 22, line 7 - line 25 page 30, line 23 -page 36 page 55, line 7 -page 58 page 65 -page 71 claims ---				1-33
--- -/--					
<input checked="" type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of box C.					
<input checked="" type="checkbox"/> Patent family members are listed in annex.					
* Special categories of cited documents : <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <div style="width: 45%;"> <p>"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance</p> <p>"E" earlier document but published on or after the international filing date</p> <p>"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)</p> <p>"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means</p> <p>"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed</p> </div> <div style="width: 45%;"> <p>"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention</p> <p>"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone</p> <p>"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.</p> <p>"3" document member of the same patent family</p> </div> </div>					
Date of the actual completion of the international search <div style="text-align: center; font-weight: bold;">17 January 2000</div>			Date of mailing of the international search report <div style="text-align: center; font-weight: bold;">17. 04. 00</div>		
Name and mailing address of the ISA European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016			Authorized officer <div style="text-align: center; font-weight: bold;">ANDRES S.M.</div>		

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Patent Application No
PCT/DE 99/00721

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>WO 98 04689 A (UROCOR INC) 5 February 1998 (1998-02-05) page 4, line 8 -page 9, line 7 page 20 -page 41 page 61, line 16 -page 66, line 3 page 85, line 20 -page 117 claims</p>	1-33
X	<p style="text-align: center;">---</p> <p>ADAMS, M. ET AL.: "EST186922 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ20258; ACCESSION NUMBER AA314881, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127622 the whole document & NATURE., vol. 377, 1995, pages 3-174, ISSN: 0028-0836</p>	1,5-9
X	<p style="text-align: center;">---</p> <p>HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zi42c12.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS S1 Homo sapiens cDNA clone 433462 3'" EMBL DATABASE ENTRY AA694204, 19 December 1997 (1997-12-19), XP002127623 the whole document</p>	1,5-9
X	<p style="text-align: center;">---</p> <p>"zs84c07.r1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:704172 5'" EMBL DATABASE ENTRY HS1183744; ACCESSION NUMBER AA279355 (VERSION 3), 19 June 1997 (1997-06-19), XP002127624 the whole document</p>	1,5-9
X	<p style="text-align: center;">---</p> <p>ADAMS, M. ET AL.: "EST188096 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ21531; ACCESSION NUMBER AA316013, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127625 the whole document & NATURE., vol. 377, 1995, pages 3-174, ISSN: 0028-0836</p>	1,5-9
X	<p style="text-align: center;">---</p> <p>HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zm87c06.r1 Stratagene ovarian cancer (#937219) Homo sapiens cDNA clone 544906 5'" EMBL DATABASE ENTRY HSAA75438; ACCESSION NUMBER AA75438 (VERSION 2), 30 December 1997 (1997-12-30), XP002127626 the whole document</p> <p style="text-align: center;">---</p> <p style="text-align: center;">-/--</p>	1,5-9

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inten. Appl. Application No
PCT/DE 99/00721

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 23, 1995, page 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 cited in the application ---	
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 cited in the application ---	
P,X	US 5 843 665 A (HAWKINS PHILLIP R ET AL) 1 December 1998 (1998-12-01) the whole document ---	1-33
P,X	WO 98 42738 A (FLORENCE KIMBERLY A ;HUMAN GENOME SCIENCES INC (US); GREENE JOHN M) 1 October 1998 (1998-10-01) page 62 page 92 -page 111 page 312 -page 313 claims ---	1-13, 15-25, 28,31-33
E	WO 99 53040 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 21 October 1999 (1999-10-21) page 1 -page 8 page 316, line 29 - line 53 claims; figures -----	1-33

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/ 00721

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: **34-36**
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

See supplemental sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:
Claims 1-36 (all in part)

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

ADDITIONAL MATTER

PCT/ISA/210

International application No.

PCT/DE99/00721

The International Search Authority has found that this international application contains several (groups of) inventions as follows:

1. Claims: 1-36 (all in part)

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID 3, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Antibodies directed against a polypeptide or fragment coded for by SEQ ID 3. Polypeptide sequences relating to SEQ ID 57 (table 2) and the uses thereof. Medicaments containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID 57.

2. to 53. Claims: 1-36 (all in part)

The same as in the case of invention 1 but relating to the nucleic acid sequences SEQ ID 4, 6, 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31, 33-34, 36, 39, 44-53, 142 and 144-164 and the corresponding polypeptide (partial) sequences SEQ ID 58-60, 64, 66-67, 70-71, 73-83, 86, 87, 89-90, 92, 94, 101-141, 143 and 165-199 and described in table 2.

54 to 58. Claims: 3, 5-19, 23-26, 29-33 (all in part)

Nucleic acid sequence relating respectively to SEQ ID 7, 13, 26, 37 or 40, expression cassette and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Corresponding polypeptide sequence(s) and described in table and the uses thereof. Medicament containing at least one of said sequences.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

See Supplemental Sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

PCT/DE99/00721

2. Claims Nr.: 34-36

4. Claims 1-36 (all in part)

ADDITIONAL MATTER

PCT/ISA/210

Continuation of Box I.2

Claims Nr.: 34-36

Patent claims 34-36 relate to an excessively large number of possible products, which is not supported by the description as defined by PCT Art. 6 and/or cannot be considered as disclosed in the patent application as defined by PCT Art. 5. In the present case, the patent claims lack the necessary support and the patent application lacks the necessary disclosure to such an extent that a meaningful search covering the entire range of protection sought for appears to be impossible. For this reason, no search on said products and the uses thereof was carried out.

The applicant's attention is drawn to the fact that patent claims, or parts of patent claims, relating to inventions in respect of which no international search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). The applicant is advised that the EPO policy when acting as an International Preliminary Examining Authority is normally not to carry out a preliminary examination on matter which has not been searched. This is the case irrespective whether or not the patent claims are amended following receipt of the International Search Report (PCT Art. 19) or whether or not the applicant files new patent claims during any PCT Chapter II procedure.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No.

PCT/DE 99/00721

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9736535 A	09-10-1997	US 5861248 A	19-01-1999
		AU 713610 B	09-12-1999
		AU 2601797 A	22-10-1997
		EP 0904405 A	31-03-1999

WO 9804689 A	05-02-1998	AU 6642996 A	20-02-1998
		EP 0951541 A	27-10-1999
		US 5882864 A	16-03-1999

US 5843665 A	01-12-1998	US 5981232 A	09-11-1999

WO 9842738 A	01-10-1998	AU 6564698 A	12-10-1998
		EP 0970110 A	12-01-2000
		AU 6562798 A	20-10-1998
		AU 8768498 A	01-03-1999
		WO 9907891 A	18-02-1999
		AU 9679898 A	27-04-1999
		WO 9918208 A	15-04-1999

WO 9953040 A	21-10-1999	DE 19817557 A	21-10-1999

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Inter nales Aktenzeichen

PCT/DE 99/00721

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES					
IPK 6	C12N15/12	C07K14/47	C07K16/18	C12N1/21	C12N5/10
	C12N15/10	C12N15/62	C12N15/70	C12N15/79	C12Q1/68
	G01N33/68	A61K38/17	A61K48/00		
Nach der internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK					
B. RECHERCHIERTE GEBIETE					
Recherchiertes Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)					
IPK 6 C12N C07K C12Q					
Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen					
Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)					
C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN					
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile				Betr. Anspruch Nr.
X	<p>YANG, Z. & WENSEL, T.: "Molecular cloning and functional expression of cDNA encoding a mammalian inorganic pyrophosphatase" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY., Bd. 267, 5. Dezember 1992 (1992-12-05), Seiten 24641-24647, XP002127621 ISSN: 0021-9258 Abbildung 4</p>				<p>1,7, 10-12, 15-19, 23-25</p>
A	<p>WO 97 36535 A (UNIV TEXAS) 9. Oktober 1997 (1997-10-09) Seite 4 -Seite 16 Seite 22, Zeile 7 - Zeile 25 Seite 30, Zeile 23 -Seite 36 Seite 55, Zeile 7 -Seite 58 Seite 65 -Seite 71 Ansprüche</p>				<p>1-33</p>

-/-					
<div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <div> <input checked="" type="checkbox"/> Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen </div> <div> <input checked="" type="checkbox"/> Siehe Anhang Patentfamilie </div> </div>					
<p>* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :</p> <p>"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist</p> <p>"E" Älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist</p> <p>"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)</p> <p>"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht</p> <p>"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist</p> <p>"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist</p> <p>"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden</p> <p>"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist</p> <p>"Z" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist</p>					
Datum des Abschlusses der internationalen Recherche			Absenddatum des internationalen Recherchenberichts		
17. Januar 2000			17. 04. 00		
Name und Postanschrift der internationalen Recherchenbehörde			Bevollmächtigter Bediensteter		
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3018			ANDRES S.M.		

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	WO 98 04689 A (UROCOR INC) 5. Februar 1998 (1998-02-05) Seite 4, Zeile 8 -Seite 9, Zeile 7 Seite 20 -Seite 41 Seite 61, Zeile 16 -Seite 66, Zeile 3 Seite 85, Zeile 20 -Seite 117 Ansprüche	1-33
X	--- ADAMS, M. ET AL.: "EST186922 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ20258; ACCESSION NUMBER AA314881, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127622 das ganze Dokument & NATURE., Bd. 377, 1995, Seiten 3-174, ISSN: 0028-0836	1,5-9
X	--- HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zi42c12.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS S1 Homo sapiens cDNA clone 433462 3'" EMBL DATABASE ENTRY AA694204, 19. Dezember 1997 (1997-12-19), XP002127623 das ganze Dokument	1,5-9
X	--- "zs84c07.r1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:704172 5'" EMBL DATABASE ENTRY HS1183744; ACCESSION NUMBER AA279355 (VERSION 3), 19. Juni 1997 (1997-06-19), XP002127624 das ganze Dokument	1,5-9
X	--- ADAMS, M. ET AL.: "EST188096 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ21531; ACCESSION NUMBER AA316013, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127625 das ganze Dokument & NATURE., Bd. 377, 1995, Seiten 3-174, ISSN: 0028-0836	1,5-9
X	--- HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project : zm87c06.r1 Stratagene ovarian cancer (#937219) Homo sapiens cDNA clone 544906 5'" EMBL DATABASE ENTRY HSAA75438; ACCESSION NUMBER AA75438 (VERSION 2), 30. Dezember 1997 (1997-12-30), XP002127626 das ganze Dokument	1,5-9
	--- -/--	

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internat. Aktenzeichen

PCT/DE 99/00721

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., Bd. 23, 1995, Seite 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 in der Anmeldung erwähnt ---	
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., Bd. 7, 1997, Seiten 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 in der Anmeldung erwähnt ---	
P,X	US 5 843 665 A (HAWKINS PHILLIP R ET AL) 1. Dezember 1998 (1998-12-01) das ganze Dokument ---	1-33
P,X	WO 98 42738 A (FLORENCE KIMBERLY A ;HUMAN GENOME SCIENCES INC (US); GREENE JOHN M) 1. Oktober 1998 (1998-10-01) Seite 62 Seite 92 -Seite 111 Seite 312 -Seite 313 Ansprüche ---	1-13, 15-25, 28,31-33
E	WO 99 53040 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 21. Oktober 1999 (1999-10-21) Seite 1 -Seite 8 Seite 316, Zeile 29 - Zeile 53 Ansprüche; Abbildungen -----	1-33

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00721

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☒ Ansprüche Nr. 34-36
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
Ansprüche 1-36 (alle teilweise)

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

1. Ansprüche: 1-36 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID 3, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID 3 Sequenz kodiert wird. Polypeptidsequenzen sich beziehend auf SEQ ID 57 (Tabelle 2) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID 57.

2. bis 53. Ansprüche: 1-36 (alle teilweise)

Wie für Erfindung 1. aber bezogen auf die Nukleinsäuresequenzen SEQ IDs 4,6,10,12,15,17-24,27,29, 31,33-34,36,39,44-53,142 und 144-164, und den korrespondierenden Polypeptid(teil)-Sequenzen SEQ IDs 58-60, 64,66-67,70-71,73-83,86,87,89-90,92,94,101-141,143 und 165-199 sowie in Tabelle 2 beschrieben.

54. bis 58. Ansprüche: 3,5-19,23-26,29-33 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich respektiv beziehend auf SEQ IDs 7,13,26,37 oder 40, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Korrespondierende Polypeptidsequenz(en) sowie in Tabelle II beschrieben und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine dieser Sequenzen.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/00721

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld 1.2

Ansprüche Nr.: 34-36

Die geltende Patentansprüche 34 bis 36 beziehen sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und/oder noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für besagte Produkte und deren Verwendungen ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentansprüche vorlegt.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichung, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/00721

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9736535 A	09-10-1997	US 5861248 A	19-01-1999
		AU 713610 B	09-12-1999
		AU 2601797 A	22-10-1997
		EP 0904405 A	31-03-1999
-----	-----	-----	-----
WO 9804689 A	05-02-1998	AU 6642996 A	20-02-1998
		EP 0951541 A	27-10-1999
		US 5882864 A	16-03-1999
-----	-----	-----	-----
US 5843665 A	01-12-1998	US 5981232 A	09-11-1999
-----	-----	-----	-----
WO 9842738 A	01-10-1998	AU 6564698 A	12-10-1998
		EP 0970110 A	12-01-2000
		AU 6562798 A	20-10-1998
		AU 8768498 A	01-03-1999
		WO 9907891 A	18-02-1999
		AU 9679898 A	27-04-1999
		WO 9918208 A	15-04-1999
-----	-----	-----	-----
WO 9953040 A	21-10-1999	DE 19817557 A	21-10-1999
-----	-----	-----	-----

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ BLACK BORDERS
- ☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- ☒ FADED TEXT OR DRAWING
- ☒ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- ☒ SKEWED/SLANTED IMAGES
- ☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- ☐ GRAY SCALE DOCUMENTS
- ☐ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- ☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- ☐ OTHER: _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.